



(19) 대한민국특허청(KR)

(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2020년03월06일

(11) 등록번호 10-2086182

(24) 등록일자 2020년03월02일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C12Q 1/68 (2018.01) *C12N 9/90* (2006.01)
G01N 33/483 (2006.01) *G01N 33/58* (2006.01)
 (21) 출원번호 10-2014-7020837
 (22) 출원일자(국제) 2012년12월28일
 심사청구일자 2017년12월26일
 (85) 번역문제출일자 2014년07월24일
 (65) 공개번호 10-2014-0108706
 (43) 공개일자 2014년09월12일
 (86) 국제출원번호 PCT/GB2012/053274
 (87) 국제공개번호 WO 2013/098562
 국제공개일자 2013년07월04일
 (30) 우선권주장
 61/581,332 2011년12월29일 미국(US)
 (56) 선행기술조사문헌
 Nucleic Acids Res. 2004, 32(7): 2158-2170

(73) 특허권자
 옥스포드 나노포어 테크놀로지스 리미티드
 영국, 옥스퍼드셔 오엑스4 4디큐, 옥스퍼드, 옥스퍼드 사이언스 파크, 에드먼드 홀리 로드, 고슬링 빌딩
 (72) 발명자
 모이시, 루스
 영국 오엑스4 4지에이 옥스포드셔 옥스포드 옥스퍼드 사이언스 파크 로버트 로빈슨 애비뉴 4 에드먼드 카트라이트 하우스 옥스포드 나노포어 테크놀로지스 리미티드
 해론, 앤드류 존
 영국 오엑스4 4지에이 옥스포드셔 옥스포드 옥스퍼드 사이언스 파크 로버트 로빈슨 애비뉴 4 에드먼드 카트라이트 하우스 옥스포드 나노포어 테크놀로지스 리미티드
 쇠외스, 싸볼츠
 영국 오엑스4 4지에이 옥스포드셔 옥스포드 옥스퍼드 사이언스 파크 로버트 로빈슨 애비뉴 4 에드먼드 카트라이트 하우스 옥스포드 나노포어 테크놀로지스 리미티드
 (74) 대리인
 양영준, 김영, 위혜숙

전체 청구항 수 : 총 28 항

심사관 : 이준혁

(54) 발명의 명칭 효소 방법

(57) 요약

본 발명은 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 신규 방법에 관한 것이다. 방법은 기공 및 RecD 헬리카제를 사용한다. 헬리카제는 기공을 통한 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어한다.

명세서

청구범위

청구항 1

(a) 표적 폴리뉴클레오티드를 막횡단 기공 및 RecD 헬리카제와 접촉시켜, 표적 폴리뉴클레오티드가 기공을 통해 이동하고 RecD 헬리카제가 기공을 통한 표적 뉴클레오티드의 이동을 제어하도록 하는 단계; 및

(b) 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때, 표적 뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 나타내는 하나 이상의 측정을 수행함으로써 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 단계

를 포함하며, 0.3M 내지 1.0M의 염 농도를 사용하여 수행되는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 방법.

청구항 2

제1항에 있어서, 하나 이상의 특징이 (i) 표적 폴리뉴클레오티드의 길이, (ii) 표적 폴리뉴클레오티드의 정체, (iii) 표적 폴리뉴클레오티드의 서열, (iv) 표적 폴리뉴클레오티드의 2차 구조, 및 (v) 표적 폴리뉴클레오티드의 변형 여부로부터 선택된 것인 방법.

청구항 3

제2항에 있어서, 표적 폴리뉴클레오티드가 메틸화에 의해, 산화에 의해, 손상에 의해, 또는 하나 이상의 단백질에 의해, 또는 하나 이상의 표지, 태그 또는 스페이서에 의해 변형된 것인 방법.

청구항 4

제1항 내지 제3항 중 어느 한 항에 있어서, 표적 폴리뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 전기 측정, 광학 측정, 또는 둘 모두에 의해 측정하며, 전기 측정이 전류 측정, 임피던스 측정, 터널링(tunnelling) 측정, 또는 전계 효과 트랜지스터 (FET) 측정인 방법.

청구항 5

제1항에 있어서, 기공을 가로지르는 전압을 인가하여 기공과 헬리카제 사이에 복합체를 형성하는 단계를 추가로 포함하는 방법.

청구항 6

제1항에 있어서, 폴리뉴클레오티드의 적어도 일부분이 이중 가닥인 방법.

청구항 7

제1항에 있어서, 기공이 막횡단 단백질 기공 또는 고체 상태 기공인 방법.

청구항 8

제7항에 있어서, 막횡단 단백질 기공이 α -용혈소, 류코시딘, 미코박테리움 스메그마티스(*Mycobacterium smegmatis*) 포린 A (MspA), 외부 막 포린 F (OmpF), 외부 막 포린 G (OmpG), 외부 막 포스포리파제 A, 네이세리아(*Neisseria*) 자가수송체 지단백질 (NalP) 및 WZA로부터 선택된 것인 방법.

청구항 9

제7항에 있어서, 막횡단 단백질이 (a) 8개의 동일한, 서열 2에 나타난 서브유닛으로 형성되고 기공 활성을 보유하는 것이거나, 또는 (b) 7개의 동일한, 서열 4에 나타난 서브유닛으로 형성된 α -용혈소이고 기공 활성을 보유하는 것인 방법.

청구항 10

제1항에 있어서, RecD 헬리카제가

- 아미노산 모티프 X1-X2-X3-G-X4-X5-X6-X7 (서열 8) (여기서 X1은 G, S 또는 A이고, X2는 임의의 아미노산이

고, X3은 P, A, S 또는 G이고, X4는 T, A, V, S 또는 C이고, X5는 G 또는 A이고, X6은 K 또는 R이고, X7은 T 또는 S임);

- 아미노산 모티프 X1-X2-X3-X4-X5-(X6)₃-Q-X7 (서열 16) (여기서 X1은 Y, W 또는 F이고, X2는 A, T, S, M, C 또는 V이고, X3은 임의의 아미노산이고, X4는 T 또는 N이고, X5는 A, T, G, S, V 또는 I이고, X6은 임의의 아미노산이고, X7은 G 또는 S임); 또는

- 둘 모두

를 포함하는 것인 방법.

청구항 11

제10항에 있어서, RecD 헬리카제가 하기 모티프

- (a) GPGTGKT(서열 19), WAVTIHKSQG(서열 20), 또는 둘 모두;
- (b) GPGTGKS(서열 22), YALTVHRAQG(서열 23), 또는 둘 모두;
- (c) GPGVGKT(서열 26), YAISVHKSQG(서열 27), 또는 둘 모두;
- (d) GPGTGKT(서열 19), YCISVHKSQG(서열 29), 또는 둘 모두;
- (e) GPGVGKT(서열 26), YAATIHKSQG(서열 31), 또는 둘 모두;
- (f) GPGCGKS(서열 33), YAMTIHRSQG(서열 34), 또는 둘 모두;
- (g) GPGTGKS(서열 22), YAVSIHKSQG(서열 36), 또는 둘 모두;
- (h) GPGVGKT(서열 26), YATSVHKSQG(서열 38), 또는 둘 모두;
- (i) GPGTGKT(서열 19), YAVSVHKSQG(서열 40), 또는 둘 모두;
- (j) GPGVGKT(서열 26), YATSIHKSQG(서열 43), 또는 둘 모두; 또는
- (k) GPGTGKS(서열 22), YALTVHRGQG(서열 45), 또는 둘 모두

를 포함하는 것인 방법.

청구항 12

제1항에 있어서, RecD 헬리카제가 표 4 또는 5에 나타난 헬리카제 중 하나이며, 표 4는 하기 표이고

- 1 NP_295625.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 RecD [테이노코쿠스 라디오두란스 R1] >gb|AAF11453.1|AE002029_2
엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 서브유닛 RecD, 추정 [테이노코쿠스 라디오두란스 R1]
- 2 YP_604297.1 헬리카제 RecD/TraA [테이노코쿠스 게오썬말리스 DSM 11300]
>gb|ABF45128.1| 헬리카제 RecD/TraA [테이노코쿠스 게오썬말리스 DSM 11300]
- 3 YP_002786343.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [테이노코쿠스 테세르티 VCD115] >gb|ACO46589.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [테이노코쿠스 테세르티 VCD115]
- 4 3E1S_A 쇠 A, 테이노코쿠스 라디오두란스 Recd2 의 N-말단 절단의 구조
>pdb|3GP8|A 쇠 A, Dna 와 Recd2 의 2 원 복합체의 결정 구조
>pdb|3GPL|A 쇠 A, Dna 및 Adpnp 와 Recd2 의 3 원 복합체의 결정 구조
>pdb|3GPL|B 쇠 B, Dna 및 Adpnp 와 Recd2 의 3 원 복합체의 결정 구조
- 5 YP_004256144.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
>gb|ADY26527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
- 6 YP_004170918.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 마리코펜시스 DSM 21211] >gb|ADV67253.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 마리코펜시스 DSM 21211]
- 7 YP_004256838.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
>gb|ADY27475.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
- 8 YP_003885838.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7822]
>gb|ADN12563.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7822]
- 9 ZP_08579275.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 멀티사카리보락스 DSM 17128] >gb|EGN56845.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 멀티사카리보락스 DSM 17128]
- 10 YP_002377692.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7424]
>gb|ACK70824.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7424]
- 11 YP_001519318.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW30000.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 12 YP_003318882.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스파에로박터 썬모필루스 DSM 20745]
>gb|ACZ38060.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스파에로박터 썬모필루스 DSM 20745]
- 13 YP_004671137.1 가설 단백질 SNE_A07690 [심카니아 네게멘시스 Z]
>emb|CCB88646.1| 비특정화 단백질 yrrC [심카니아 네게멘시스 Z]
- 14 YP_375364.1 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 루테올룸 DSM 273]
>gb|ABB24321.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 루테올룸 DSM 273]
- 15 YP_002418908.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
>gb|ACK80980.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
- 16 YP_003065757.1 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4] >emb|CAX21689.1| 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4]
- 17 ZP_00518989.1 헬리카제 RecD/TraA [크로코스포에라 왓소나이 WH 8501]

- >gb|EAM47924.1| 헬리카제 RecD/TraA [크로코스파에라 왓소나이 WH 8501]
- 18 YP_06973397.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
>gb|EFH81464.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
- 19 YP_08486910.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로미크로비움 알봄 BG8]
>gb|EGL02141.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로미크로비움 알봄 BG8]
- 20 YP_002015362.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [프로스테코클로리스 아에스투아리이 DSM 271] >gb|ACF45715.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프로스테코클로리스 아에스투아리이 DSM 271]
- 21 YP_001130786.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오비브리오이데스 DSM 265] >gb|ABP37284.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움 파에오비브리오이데스 DSM 265]
- 22 YP_002961258.1 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 AM1] >gb|ACS37981.1| 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 AM1]
- 23 YP_08772902.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV16093.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 24 YP_001637509.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 PA1] >gb|ABY28438.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 PA1]
- 25 YP_02062824.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [리케치엘라 그릴리] >gb|EDP46829.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [리케치엘라 그릴리]
- 26 YP_08768753.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV20712.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 27 YP_001922739.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 포폴리 BJ001]
>gb|ACB78204.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 포폴리 BJ001]
- 28 YP_002018300.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메 BU-1] >gb|ACF43683.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메 BU-1]
- 29 YP_06245171.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [빅터발리스 바텐시스 ATCC BAA-548] >gb|EFA98856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [빅터발리스 바텐시스 ATCC BAA-548]
- 30 YP_08771217.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV17897.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 31 YP_08769899.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV18833.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 32 YP_03727363.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [오피투타세아에 박테리움 TAV2]
>gb|EEG18626.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [오피투타세아에 박테리움 TAV2]
- 33 YP_05027797.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420] >gb|EDX74161.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420]
- 34 YP_001521445.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW32131.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 35 YP_002606149.1 RecD3 [테슬포박테리움 아우토티로피쿰 HRM2] >gb|ACN17985.1| RecD3 [테슬포박테리움 아우토티로피쿰 HRM2]
- 36 YP_003165615.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 아큐물리박터 포스파티스 클레이드 IIA 균주 UW-1] >gb|ACV33686.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 아큐물리박터 포스파티스 클레이드 IIA 균주 UW-1]
- 37 YP_01732265.1 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110] >gb|EAZ88318.1| 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110]

- 38 YP_901533.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
>gb|ABK99475.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
- 39 YP_004121205.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
>gb|ADU62459.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
- 40 YP_911313.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오박테로이데스 DSM 266]
>gb|ABL64889.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움 파에오박테로이데스 DSM 266]
- 41 YP_002424008.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
>gb|ACK86080.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
- 42 YP_320143.1 헬리카제 RecD/TraA [아나바에나 바리아빌리스 ATCC 29413]
>gb|ABA24954.1| 헬리카제 RecD/TraA [아나바에나 바리아빌리스 ATCC 29413]
- 43 YP_001603050.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>emb|CAP56758.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 44 ZP_05054956.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 307]
>gb|EDY75856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 307]
- 45 YP_003445164.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알로크로마티움 비노숨 DSM 180]
>gb|ADC64132.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알로크로마티움 비노숨 DSM 180]
- 46 NP_490177.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠 [노스톡 중 PCC 7120]
>dbj|BAB78155.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠 [노스톡 중 PCC 7120]
- 47 NP_923575.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글로에오박터 비올라세우스 PCC 7421]
>dbj|BAC88570.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글로에오박터 비올라세우스 PCC 7421]
- 48 YP_001601244.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>emb|CAP54908.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 49 YP_004748470.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1]
>gb|AEK57770.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1]
- 50 YP_004863326.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 클로르아시도박테리움 씨모필름 B]
>gb|AEP12810.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 클로르아시도박테리움 씨모필름 B]
- 51 YP_001520750.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW31600.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 52 YP_003197384.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포할로비움 레트바엔세 DSM 5692]
>gb|ACV67806.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포할로비움 레트바엔세 DSM 5692]
- 53 ZP_08900128.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [글루콘아세토박터 오보에디엔스 174Bp2]
- 54 YP_002275391.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>gb|ACI50776.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 55 YP_003156740.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포미크로비움 마콜라툼 DSM 4028]
>gb|ACU88324.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리

- 56 JP_08821817.1 [테슬포미크로비움 바쿨라툼 DSM 4028]
헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도코쿠스 트류시이 AZ1]
>gb|EGV33422.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도코쿠스
트류시이 AZ1]
- 57 JP_01731986.1 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110] >gb|EAZ88625.1|
헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110]
- 58 YP_001943002.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 리미콜라 DSM 245]
>gb|ACD90023.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움
리미콜라 DSM 245]
- 59 JP_08318929.1 가설 단백질 SXCC_04894 [글루콘아세토박터 중 SXCC-1]
>gb|EGG74446.1| 가설 단백질 SXCC_04894 [글루콘아세토박터 중
SXCC-1]
- 60 YP_002017890.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메
BU-1] >gb|ACF43273.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온
파에오클라트라티포르메 BU-1]
- 61 JP_07972826.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [시네코코쿠스 중 CB0101]
- 62 YP_003189342.1 DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-
01] >dbj|BAI00963.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-01] >dbj|BAI04011.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-03]
>dbj|BAI07058.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-07] >dbj|BAI10106.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-22]
>dbj|BAI13154.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-26] >dbj|BAI16200.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-32]
>dbj|BAI19184.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-01-42C] >dbj|BAI22230.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-12]
- 63 YP_001959197.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오박테로이데스 BS1]
>gb|ACE03716.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움
파에오박테로이데스 BS1]
- 64 JP_05064957.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 238]
>gb|EDY90196.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터
안타르크티쿠스 238]
- 65 YP_001772290.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 중 4-46]
>gb|ACA19856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 중
4-46]
- 66 YP_001998378.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로바큘룸 파르툼 NCIB 8327]
>gb|ACF11178.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로바큘룸
파르툼 NCIB 8327]
- 67 YP_001869949.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [노스톡 폰크티포르메 PCC 73102]
>gb|ACC84908.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [노스톡
폰크티포르메 PCC 73102]
- 68 JP_08109907.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 중 ND132]
>gb|EGB13792.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오
테슬푸리칸스 ND132]
- 69 JP_06965850.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
>gb|EFH88961.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터
라세미페르 DSM 44963]
- 70 JP_05428586.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 DSM 2360]
>ref|JP_06247696.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움
썬모셀룸 JW20] >gb|EEU02481.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리

- 71 [ZP_05404007.1](#) [클로스트리디움 썬모셀룸 DSM 2360] >gb|EFB38336.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 JW20]
- 72 [YP_002992028.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미츠오켄라 몰타시다 DSM 20544] >gb|EEX68970.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미츠오켄라 몰타시다 DSM 20544]
- 73 [ZP_02190744.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 살렉시겐스 DSM 2638] >gb|ACS80489.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 살렉시겐스 DSM 2638]
- 74 [ZP_08959149.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199] >gb|EDP62587.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
- 75 [YP_003709145.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [할로모나스 중 HAL1] >gb|EHA16215.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [할로모나스 중 HAL1]
- 76 [YP_003528424.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [와들리아 콘드로필라 WSU 86-1044] >gb|ADI38139.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [와들리아 콘드로필라 WSU 86-1044]
- 77 [ZP_02191403.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 할로필루스 Nc4] >gb|ADE16037.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 할로필루스 Nc4]
- 78 [YP_004802608.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199] >gb|EDP61760.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
- 79 [CCB91170.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 중 시렉스 AA-E] >gb|AEN10068.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 중 시렉스 AA-E]
- 80 [YP_289811.1](#) 비특성화 단백질 yrrC [와들리아 콘드로필라 2032/99]
- 81 [ZP_07015918.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [썬모비피다 푸스카 YX] >gb|AAZ55788.1| 헬리카제 RecD/TraA [썬모비피다 푸스카 YX]
- 82 [YP_004766648.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬폰아트로나스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1] >gb|EFI36068.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬폰아트로나스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1]
- 83 [ZP_04708454.1](#) 헬리카제 [메가스파에라 엘스테니이 DSM 20460] >emb|CCC73821.1| 헬리카제 [메가스파에라 엘스테니이 DSM 20460]
- 84 [YP_001039578.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 11379] >ref|ZP_06584159.1| 데옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 15998] >gb|EFE74620.1| 데옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 15998]
- 85 [YP_594664.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405] >gb|ABN54385.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405]
- 86 [NP_662288.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [로소니아 인트라셀룰라리스 PHE/MN1-00] >emb|CAJ54343.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [로소니아 인트라셀룰라리스 PHE/MN1-00]
- 87 [ZP_08423994.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, 추정 [클로로비움 테피둠 TLS] >gb|AAM72630.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, 추정 [클로로비움 테피둠 TLS]
- 88 [YP_007688.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 아프리카누스 균주 윌비스 베이] >gb|EGJ51099.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 아프리카누스 균주 윌비스 베이]
- 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [칸디다투스 프로토클라미디아

- 아모에보필라 UWE25] >emb|CAF23413.1| 추정
엑소테옥시리보뉴클레아제 V [칸디다투스 프로토클라미디아
아모에보필라 UWE25]
- 89 YP_002953244.1 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포비브리오 마그네터쿠스
RS-1] >dbj|BAH75358.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질
[데슬포비브리오 마그네터쿠스 RS-1]
- 90 ADW05584.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 플라보그리세우스
ATCC 33331]
- 91 ZP_01385982.1 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 페로옥시단스 DSM 13031]
>gb|EAT59085.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 페로옥시단스
DSM 13031]
- 92 YP_001716965.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칸디다투스 데슬포루디스
아우닥스비아토르 MP104C] >gb|ACA59333.1| 헬리카제, RecD/TraA
패밀리 [칸디다투스 데슬포루디스 아우닥스비아토르 MP104C]
- 93 ADL25833.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피브로박터 속시노게네스 아종
속시노게네스 S85]
- 94 YP_002480970.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7425]
>gb|ACL42609.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC
7425]
- 95 YP_004516136.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포토마쿨룸 쿠즈네초비이 DSM
6115] >gb|AEG14335.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[데슬포토마쿨룸 쿠즈네초비이 DSM 6115]
- 96 ZP_08778308.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 [칸디다투스 오디셀라 테살로니센시스
L13]

- 97 [ZP_06825719.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 SPB74]
>gb|EDY42267.2| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 SPB74]
- 98 [ZP_05293745.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 ATCC 51756] >gb|EET26367.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 ATCC 51756]
- 99 [YP_480657.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [프랑키아 종 CcI3] >gb|ABD10928.1| 헬리카제 RecD/TraA [프랑키아 종 CcI3]
- 100 [ZP_07017628.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬폰아트로나스피라 티오디스뮤타스 ASO3-1] >gb|EFI33504.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬폰아트로나스피라 티오디스뮤타스 ASO3-1]
- 101 [YP_379155.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 클로로크로마티이 CaD3] >gb|ABB28112.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 클로로크로마티이 CaD3]
- 102 [YP_004897355.1](#) 헬리카제 [아시다미노코쿠스 인테스티니 RyC-MR95] >gb|AEQ23215.1| 헬리카제 [아시다미노코쿠스 인테스티니 RyC-MR95]
- 103 [ZP_03311944.1](#) 가설 단백질 DESPIG_01864 [테슬포비브리오 피게르 ATCC 29098] >gb|EEB33267.1| 가설 단백질 DESPIG_01864 [테슬포비브리오 피게르 ATCC 29098]
- 104 [YP_004783252.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3] >gb|AEM46926.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3]
- 105 [ZP_03928493.1](#) 헬리카제 [아시다미노코쿠스 종 D21] >gb|EEH89723.1| 헬리카제 [아시다미노코쿠스 종 D21]
- 106 [ZP_06530901.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 리비단스 TK24] >gb|EFD69151.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 리비단스 TK24]
- 107 [ZP_01667371.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모시누스 카르복시디보란스 Nor1] >gb|EAX46825.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모시누스 카르복시디보란스 Nor1]
- 108 [ZP_08942446.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970] >gb|EGZ54636.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
- 109 [NP_626969.1](#) 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 코엘리콜로르 A3(2)] >emb|CAB66276.1| 추정 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 코엘리콜로르 A3(2)]
- 110 [ADU73817.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀름 DSM 1313]
- 111 [YP_001157093.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [살리니스포라 트로피카 CNB-440] >gb|ABP52715.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [살리니스포라 트로피카 CNB-440]
- 112 [ZP_02929767.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [배루코미크로비움 스피노숨 DSM 4136]
- 113 [ZP_08455023.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Tu6071] >gb|EGJ77252.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Tu6071]
- 114 [YP_003022840.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 종 M21] >gb|ACT19082.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 종 M21]
- 115 [YP_003549103.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [코랄리오마르가리타 아카지멘시스 DSM 45221] >gb|ADE54933.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [코랄리오마르가리타 아카지멘시스 DSM 45221]
- 116 [YP_001530229.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3] >gb|ABW68152.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포코쿠스

- 117 [YP_004461132.1](#) 올레오보란스 Hxd3]
헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테피다나에로박터 종 Rel]
>gb|AEE91825.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테피다나에로박터 종 Rel]
- 118 [ZP_08943153.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
>gb|EGZ54097.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
- 119 [ZP_06560617.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 게노모종 유형_1 균주 28L] >ref|ZP_08542183.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 종 UPII 199-6] >gb|EFD93476.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 게노모종 유형_1 균주 28L] >gb|EGL41366.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 종 UPII 199-6]
- 120 [YP_002138036.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 베미드지엔시스 Bem]
>gb|ACH38240.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 베미드지엔시스 Bem]
- 121 [YP_001300657.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [박테로이테스 불가투스 ATCC 8482] >gb|ABR41035.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [박테로이테스 불가투스 ATCC 8482]
- 122 [ZP_07303897.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 비리도크로모게네스 DSM 40736] >gb|EFL32266.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 비리도크로모게네스 DSM 40736]
- 123 [YP_003399141.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시다미노코쿠스 페르멘탄스 DSM 20731] >gb|ADB47826.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시다미노코쿠스 페르멘탄스 DSM 20731]
- 124 [YP_389216.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20] >gb|ABB39521.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 125 [ZP_01085074.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [시네코코쿠스 종 WH 5701] >gb|EAQ75130.1| 헬리카제 RecD/TraA [시네코코쿠스 종 WH 5701]
- 126 [ZP_07271541.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 종 SPB78] >ref|ZP_07977252.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 SA3_actG] >gb|EFK99909.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 종 SPB78]
- 127 [ZP_02731419.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [젬마타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 128 [ZP_08287369.1](#) 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 그리세오아우란티아쿠스 M045] >gb|EGG46733.1| 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 그리세오아우란티아쿠스 M045]
- 129 [CBX27215.1](#) 가설 단백질 N47_A12440 [비배양 테슬포박테리움 종]
- 130 [YP_001530553.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3] >gb|ABW68476.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3]
- 131 [ZP_06707995.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 e14] >gb|EFF91117.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 e14]
- 132 [ZP_06917215.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 스비세우스 ATCC 29083] >gb|EDY54316.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 스비세우스 ATCC 29083]
- 133 [YP_002955020.1](#) 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1] >dbj|BAH77134.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질

- [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1]
- 134 [ZP_07985895.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 중 SA3_actF]
- 135 [YP_003103858.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [악티노신네마 미륨 DSM 43827]
>gb|ACU40012.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [악티노신네마 미륨 DSM 43827]
- 136 [YP_001826337.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 그리세우스 아종 그리세우스 NBRC 13350] >ref|ZP_08238532.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 cf. 그리세우스 XylebKG-1]
>dbj|BAG21654.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 그리세우스 아종 그리세우스 NBRC 13350] >gb|EGE44446.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 그리세우스 XylebKG-1]
- 137 [NP_826506.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 아베르미틸리스 MA-4680] >dbj|BAC73041.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 아베르미틸리스 MA-4680]
- 138 [ZP_01048465.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 중 Nb-311A] >gb|EAQ33584.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 중 Nb-311A]
- 139 [YP_003761194.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 왓소나이 C-113] >gb|ADJ28873.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 왓소나이 C-113]
- 140 [YP_003681742.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [노카르디옉시스 다손빌레이 아종 다손빌레이 DSM 43111] >gb|ADH69236.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [노카르디옉시스 다손빌레이 아종 다손빌레이 DSM 43111]
- 141 [ZP_08944617.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 중 970] >gb|EGZ52593.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 중 970]
- 142 [ZP_08803068.1](#) DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 진시레스스텐스 K42] >gb|EGX59991.1| DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 진시레스스텐스 K42]
- 143 [ZP_07740397.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아미노모나스 파우시보란스 DSM 12260] >gb|EFQ24286.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아미노모나스 파우시보란스 DSM 12260]
- 144 [YP_003250238.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피프로박터 속시노게네스 아종 속시노게네스 S85] >gb|ACX75756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피프로박터 속시노게네스 아종 속시노게네스 S85]
- 145 [ZP_01903329.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [로세오박터 중 AzwK-3b] >gb|EDM71427.1| 헬리카제 RecD/TraA [로세오박터 중 AzwK-3b]
- 146 [ZP_03641678.1](#) 가설 단백질 BACCOPRO_00005 [박테로이데스 코프로필루스 DSM 18228] >gb|EEF74546.1| 가설 단백질 BACCOPRO_00005 [박테로이데스 코프로필루스 DSM 18228]
- 147 [ZP_06578909.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 가나엔시스 ATCC 14672] >gb|EFE69370.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 가나엔시스 ATCC 14672]
- 148 [YP_004652609.1](#) 단백질 yrrC [파라클라미디아 아칸타모에바에 UV7] >emb|CCB86755.1| 비특정화 단백질 yrrC [파라클라미디아 아칸타모에바에 UV7]
- 149 [ZP_06299454.1](#) 가설 단백질 pah_c032o017 [파라클라미디아 아칸타모에바에 균주 홀스 코쿠스] >gb|EFB41460.1| 가설 단백질 pah_c032o017 [파라클라미디아 아칸타모에바에 균주 홀스 코쿠스]
- 150 [YP_001771030.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 중 4-46] >gb|ACA18596.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 중 4-46]
- 151 [ZP_08291769.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쉐 [클라미도필라 프시타시 Cal10] >ref|YP_004422478.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파

- [클라미도필라 프시타시 6BC] >emb|CBY17152.1| 추정
 엑소테옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 프시타시 RD1]
 >gb|ADZ18584.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파
 [클라미도필라 프시타시 6BC] >gb|EGF84532.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미도필라 프시타시 Cal10]
 >gb|AEB55661.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라
 프시타시 6BC] >gb|AEG85682.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시 C19/98] >gb|AEG86657.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시
 01DC11] >gb|AEG87635.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛
 알파 [클라미도필라 프시타시 02DC15] >gb|AEG88608.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시
 08DC60]
 152 CCB74558.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 카틀레야 NRRL 8057]
 153 ZP_08077054.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파스콜락토박테리움 종 YIT 12067]
 >gb|EFY04168.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파스콜락토박테리움
 종 YIT 12067]
 154 ZP_07297625.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 히그로스코피쿠스
 ATCC 53653] >gb|EFL25994.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
 [스트렙토미세스 히마스타티니쿠스 ATCC 53653]
 155 ZP_08030087.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 아르테미디스 F0399]
 >gb|EFW30515.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스
 아르테미디스 F0399]

- 156 YP_003300321.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모모노스포라 쿠르바타 DSM 43183]
>gb|ACY98283.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모모노스포라 쿠르바타 DSM 43183]
- 157 YP_001535192.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [살리니스포라 아레니콜라 CNS-205]
>gb|ABV96201.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [살리니스포라 아레니콜라 CNS-205]
- 158 NP_829514.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클라미도필라 카비아에 GPIC]
>gb|AAP05392.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라 카비아에 GPIC]
- 159 ZP_08843685.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포비브리오 중 6_1_46AFAA]
>gb|EGW50561.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포비브리오 중 6_1_46AFAA]
- 160 ZP_07331538.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 프록토소보란스 JJ]
>gb|EFL52965.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 프록토소보란스 JJ]
- 161 YP_003491438.1 DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 스카비아에 87.22]
>emb|CBG72898.1| 추정 DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 스카비아에 87.22]
- 162 ZP_08073657.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로시스티스 중 ATCC 49242]
>gb|EFX98756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로시스티스 중 ATCC 49242]
- 163 ZP_07829281.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 중 오랄 탁손 137 균주 F0430]>gb|EFR41310.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 중 오랄 탁손 137 균주 F0430]
- 164 YP_899880.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
>gb|ABK97822.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
- 165 YP_343034.1 헬리카제 RecD/TraA [니트로소코쿠스 오세아니 ATCC 19707]
>gb|ABA57504.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로소코쿠스 오세아니 ATCC 19707]
- 166 YP_004817633.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 비올라세우스니게르 Tu 4113]>gb|AEM87353.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 비올라세우스니게르 Tu 4113]
- 167 BAJ31218.1 추정 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [키타사토스포라 세타에 KM-6054]
- 168 YP_578071.1 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 함부르겐시스 X14]
>gb|ABE63611.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 함부르겐시스 X14]
- 169 ZP_01873510.1 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [렌티스파에라 아라네오사 HTCC2155]>gb|EDM29114.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [렌티스파에라 아라네오사 HTCC2155]
- 170 EFE27709.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [필리팩터 알로시스 ATCC 35896]
- 171 YP_220018.1 추정 엑소데옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 아보르투스 S26/3]
>emb|CAH64067.1| 추정 엑소데옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 아보르투스 S26/3]
- 172 ZP_07327131.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
>gb|EFL61586.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
- 173 YP_002480862.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 테슬푸리칸스 아종 테슬푸리칸스 균주 ATCC 27774]>gb|ACL50184.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 테슬푸리칸스 아종 테슬푸리칸스

- 174 [EGK69360.1](#) 균주 ATCC 27774]
추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라
아보르투스 LLG]
- 175 [YP_001967390.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [리케치아 모나센시스] >gb|ABQ85878.1|
헬리카제 RecD/TraA [리케치아 모나센시스]
- 176 [ZP_03754577.1](#) 가설 단백질 ROSEINA2194_03004 [로세부리아 이눌리니보란스 DSM
16841] >gb|EEG93135.1| 가설 단백질 ROSEINA2194_03004
[로세부리아 이눌리니보란스 DSM 16841]
- 177 [ZP_04608382.1](#) 헬리카제 [미크로모노스포라 중 ATCC 39149] >gb|EEP74312.1|
헬리카제 [미크로모노스포라 중 ATCC 39149]
- 178 [YP_001509194.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [프란키아 중 EAN1pec]
>gb|ABW14288.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프란키아 중
EAN1pec]
- 179 [ZP_06771382.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064] >ref|ZP_08215844.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
[스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC 27064] >gb|EFG06981.1|
엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064]
- 180 [ZP_08838047.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 중 4_1_30] >gb|EGW42429.1|
RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 중 4_1_30]
- 181 [CBE67477.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [NC10 박테리움 '더치 세디먼트(Dutch
sediment)']
- 182 [YP_001950493.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 로블레이 SZ]
>gb|ACD93973.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 로블레이
SZ]
- 183 [ZP_02192076.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
>gb|EDP61161.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움
BAL199]
- 184 [ZP_07943852.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 와즈위티아 3_1_6]
>gb|EFV44975.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 와즈위티아
3_1_6]
- 185 [YP_003652363.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩모비스포라 비스포라 DSM 43833]
>gb|ADG88470.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩모비스포라
비스포라 DSM 43833]
- 186 [ZP_05005893.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064] >gb|EDY50192.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
[스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC 27064]
- 187 [ZP_05065242.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 238]
>gb|EDY90481.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터
안타르크티쿠스 238]
- 188 [CBL24549.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 오베움 A2-162]
- 189 [YP_002499923.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 노둘란스 ORS 2060]
>gb|ACL59620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움
노둘란스 ORS 2060]
- 190 [YP_002432033.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파티바실룸 알케니보란스 AK-01]
>gb|ACL04565.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파티바실룸
알케니보란스 AK-01]
- 191 [ZP_07286835.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 중 C]
>gb|EFL15204.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛
[스트렙토미세스 중 C]
- 192 [YP_001105553.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라 에리트라에아 NRRL 2338]
>ref|ZP_06564045.1| 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라
에리트라에아 NRRL 2338] >emb|CAM02628.1| 헬리카제 RecD/TraA

- [사카로폴리스포라 에리트라에아 NRRL 2338]
- 193 [YP_003639317.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬민콜라 중 JR] >gb|ADG81416.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬민콜라 포텐스 JR]
- 194 [CBK63520.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [알리스티페스 샤히이 WAL 8301]
- 195 [ZP_07940306.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [박테로이데스 중 4_1_36] >gb|EFV24451.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [박테로이데스 중 4_1_36]
- 196 [ZP_08905541.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포비브리오 중 FW1012B]
- 197 [CBL07724.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 M50/1] >emb|CBL13740.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 XB6B4]
- 198 [ZP_03729282.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테티오박터 알칼리필루스 AHT 1] >gb|EEG77838.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테티오박터 알칼리필루스 AHT 1]
- 199 [YP_001220283.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 크립툼 JF-5] >ref|YP_004277111.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아시디필리움 멀티보룸 AIU301] >gb|ABQ29141.1| ATP- 의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디필리움 크립툼 JF-5] >dbj|BAJ82969.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아시디필리움 멀티보룸 AIU301]
- 200 [ZP_05382244.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D(s)2923] >gb|ADH20489.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 E/11023]
- 201 [YP_001654372.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 434/Bu] >ref|YP_001653384.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미디아 트라코마티스 L2b/UCH-1/직장염] >ref|ZP_05380402.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 70] >ref|ZP_05381326.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 70s] >ref|ZP_07223747.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2tet1] >ref|YP_004717157.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2c] >emb|CAP03727.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 434/Bu] >emb|CAP06681.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2b/UCH-1/직장염] >emb|CBJ14548.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 스웨덴 2] >gb|ADH16796.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 E/150] >gb|AEJ77066.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2c]
- 202 [ZP_04743359.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 L1-82] >gb|EEV01564.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 L1-82]
- 203 [ZP_08626355.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [아세토네마 톱곰 DSM 6540] >gb|EGO62272.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [아세토네마 톱곰 DSM 6540]
- 204 [YP_004197836.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 중 M18] >gb|ADW12560.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 중 M18]
- 205 [ZP_06415577.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 EUN1f] >gb|EFC81619.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 EUN1f]
- 206 [YP_001618568.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [소란기움 셀룰로움 'So ce 56'] >emb|CAN98088.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [소란기움 셀룰로움 'So ce 56']

- 207 [ZP_05000079.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Mg1]
>gb|EDX24590.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Mg1]
- 208 [ZP_05346027.3](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469] >gb|EET61165.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469]
- 209 [ADI10122.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 빙첸겐시스 BCW-1]
- 210 [YP_001220030.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
>gb|ABQ28888.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
- 211 [YP_515278.1](#) ATP-의존성 dsDNA/ssDNA 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파
[클라미도필라 펠리스 Fe/C-56] >dbj|BAE81133.1| ATP-의존성 dsDNA/ssDNA 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 [클라미도필라 펠리스 Fe/C-56]
- 212 [ZP_04658601.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [셀레노모나스 플루에게이 ATCC 43531] >gb|EEQ49011.1|
엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [셀레노모나스 플루에게이 ATCC 43531]
- 213 [YP_002887661.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/Jali20/OT] >emb|CAX10479.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/Jali20/OT]
- 214 [ADH17723.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/9768] >gb|ADH19570.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/11074] >gb|ADH96666.1|
엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/9301]

- 215 YP_327831.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A/HAR-13] >ref[YP_002888536.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/TZ1A828/OT] >gb|AAX50283.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A/HAR-13] >emb[CAX09585.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/TZ1A828/OT] >gb|AEP34839.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A2497]
- 216 ZP_06604245.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 녹시아 ATCC 43541] >gb|EFF65412.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 녹시아 ATCC 43541]
- 217 YP_004819301.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 위에켈리 Rt8.B1] >gb|AEM78017.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 위에켈리 Rt8.B1]
- 218 ZP_05353404.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 6276] >ref[ZP_05358380.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 6276s]
- 219 YP_003340096.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021] >gb|ACZ87353.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021]
- 220 YP_003965592.1 헬리카제 RecD/TraA [파에니바실루스 폴리믹사 SC2] >gb|ADO59524.1| 헬리카제 RecD/TraA [파에니바실루스 폴리믹사 SC2]
- 221 CCA55822.1 RecD DNA 헬리카제 YrrC [스트렙토미세스 베네주엘라에 ATCC 10712]
- 222 NP_296681.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg] >ref[ZP_06194486.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg] >ref[ZP_06195417.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Weiss] >ref[ZP_07224690.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 MopnTet14] >gb|AAF39167.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg]
- 223 YP_001126584.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [게오바실루스 썬모테니트리피칸스 NG80-2] >ref[ZP_03148778.1] 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬 G11MC16] >gb|ABO67839.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [게오바실루스 썬모테니트리피칸스 NG80-2] >gb|EDY05033.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬 G11MC16]
- 224 YP_004584034.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [다티스카 글로메라타의 프란키아 공생체] >gb|AEH10113.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [다티스카 글로메라타의 프란키아 공생체]
- 225 ZP_08710208.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 중 UPII 135-E] >gb|EGS36731.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 중 UPII 135-E]
- 226 NP_219535.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D/UW-3/CX] >gb|AAC67623.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 [클라미디아 트라코마티스 D/UW-3/CX] >gb|ADH18643.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/11222] >gb|ADI50710.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D-EC] >gb|ADI51722.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D-LC]

- 227 JP_05899746.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >ref|YP_004412788.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >gb|EEX76180.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >gb|AEB99328.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185]
- 228 JP_08502002.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [센티페다 페리오돈티이 DSM 2778] >gb|EGK59409.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [센티페다 페리오돈티이 DSM 2778]
- 229 JP_06590805.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 알부스 J1074] >gb|EFE81266.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 알부스 J1074]
- 230 YP_003116724.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테놀리스포라 아시디필라 DSM 44928] >gb|ACU74883.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테놀리스포라 아시디필라 DSM 44928]
- 231 YP_002953905.1 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포미브리오 마그네티쿠스 RS-1] >dbj|BAH76019.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포미브리오 마그네티쿠스 RS-1]
- 232 JP_06250970.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 코프리 DSM 18205] >gb|EFB36778.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 코프리 DSM 18205]
- 233 JP_08634959.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 종 PM] >gb|EGO93242.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 종 PM]
- 234 YP_846029.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB] >gb|ABK17594.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB]
- 235 YP_003476334.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 이탈리아쿠스 Ab9] >gb|ADD01772.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 이탈리아쿠스 Ab9]
- 236 YP_001665762.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 슈테타놀리쿠스 ATCC 33223] >ref|YP_004186752.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 브룩키이 아중 핀나이 Ako-1] >gb|ABY95426.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 슈테타놀리쿠스 ATCC 33223] >gb|ADV80369.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 브룩키이 아중 핀나이 Ako-1]
- 237 YP_001662092.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 종 X514] >ref|JP_07130620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X561] >ref|YP_003903434.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 종 X513] >gb|ABY91756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X514] >gb|EFK85133.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X561] >gb|ADN54143.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X513]
- 238 JP_01462693.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1] >gb|EAU66533.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1]
- 239 JP_07396437.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 종 오랄 탁손 149 균주 67H29BP] >gb|EFM24160.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 종 오랄 탁손 149 균주 67H29BP]
- 240 JP_08211163.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 에타놀리쿠스 JW 200] >gb|EGD52738.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 에타놀리쿠스 JW 200]
- 241 YP_003953494.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 v 알파 쇠 [스티그마텔라 아우란티아카

- DW4/3-1] >gb|ADO71667.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쉐
[스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1]
- 242 [YP_003676322.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 마트라니이 아종
마트라니이 균주 A3] >gb|ADH60311.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[썬모안아에로박터 마트라니이 아종 마트라니이 균주 A3]
- 243 [YP_003252104.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 Y412MC61]
>ref|YP_004133119.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스
중 Y412MC52] >gb|ACX77622.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[게오바실루스 중 Y412MC61] >gb|ADU94976.1| 헬리카제,
RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 Y412MC52]
- 244 [YP_001918465.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [나트라이나에로비우스 썬모필루스
JW/NM-WN-LF] >gb|ACB85877.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[나트라이나에로비우스 썬모필루스 JW/NM-WN-LF]
- 245 [ZP_08880276.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라 스피노사 NRRL 18395]
- 246 [ZP_03991439.1](#) 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [오리박테리움
시누스 F0268] >gb|EEJ51318.1| 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
알파 서브유닛 [오리박테리움 시누스 F0268]
- 247 [AAG23283.1](#) 개연적 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [사카로폴리스포라 스피노사]
- 248 [YP_148414.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V [게오바실루스 카우스토피루스
HTA426] >dbj|BAD76846.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V
[게오바실루스 카우스토피루스 HTA426]
- 249 [YP_714380.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [프란키아 알니 ACN14a]
>emb|CAJ62828.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [프란키아 알니
ACN14a]
- 250 [CAJ74974.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 유사 [칸디다투스
쿠에네니아 스투트가르티엔시스]
- 251 [YP_001936773.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [오리엔티아 츠즈가무시
균주 이케다] >dbj|BAG39539.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파
서브유닛 [오리엔티아 츠즈가무시 균주 이케다]
- 252 [YP_001248319.1](#) 헬리카제 RecD/TraA, ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
[오리엔티아 츠즈가무시 균주 보령] >emb|CAM79461.1| 헬리카제
RecD/TraA, ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
[오리엔티아 츠즈가무시 균주 보령]
- 253 [YP_004377643.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클라미도필라 페코룸 E58]
>gb|AEB41940.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라
페코룸 E58]
- 254 [CBL20603.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 중 SR1/5]
- 255 [YP_004421448.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [칸디다투스 리케치아 암블리움미이 AaR/SC]
>gb|AEC46362.1| 헬리카제 RecD/TraA [칸디다투스 리케치아
암블리움미이 AaR/SC]
- 256 [ZP_04857179.1](#) 보존된 가설 단백질 [루미노코쿠스 중 5_1_39B_FAA]
>gb|EES76872.1| 보존된 가설 단백질 [루미노코쿠스 중
5_1_39BFAA]
- 257 [YP_003670549.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 C56-T3]
>gb|ADI25972.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중
C56-T3]
- 258 [YP_003824777.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모세디미니박터 오세아니 DSM
16646] >gb|ADL07154.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[썬모세디미니박터 오세아니 DSM 16646]
- 259 [ZP_08812773.1](#) 가설 단백질 DOT_4190 [테슬포스포로시누스 중 OT]
>gb|EGW37924.1| 가설 단백질 DOT_4190 [테슬포스포로시누스 중
OT]
- 260 [ZP_07757395.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 마이크로누시포르미스

- F0359] >gb|EFQ04462.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 미크로누시포르미스 F0359]
- 261 ZP_08131496.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 D5] >gb|EGB91345.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 D5]
- 262 ZP_04698234.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [익소테스 스카폴라리스의 리케치아 내공생체] >gb|EER20781.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [익소테스 스카폴라리스의 리케치아 내공생체]
- 263 AEH95290.1 추정 헬리카제 [아플리시나 아에로포바 박테리아 공생체 클론 AANRPS]
- 264 YP_002464026.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아그레간스 DSM 9485] >gb|ACL25590.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아그레간스 DSM 9485]
- 265 YP_461625.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [신티로푸스 아시디트로피쿠스 SB] >gb|ABC77457.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [신티로푸스 아시디트로피쿠스 SB]
- 266 YP_010116.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [데솔포비브리오 불가리스 균주 헐든버러] >ref|YP_967532.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [데솔포비브리오 불가리스 DP4] >gb|AAS95375.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 균주 헐든버러] >gb|ABM29105.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 DP4] >gb|ADP85989.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 RCH1]
- 267 YP_001634449.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로플렉투스 아우란티아쿠스 J-10-fl] >ref|YP_002568642.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 종 Y-400-fl] >gb|ABY34060.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아우란티아쿠스 J-10-fl] >gb|ACM52316.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 종 Y-400-fl]
- 268 YP_004371330.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포바카 아세톡시단스 DSM 11109] >gb|AEB10149.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포바카 아세톡시단스 DSM 11109]
- 269 ZP_02432140.1 가설 단백질 CLOSCI_02385 [클로스트리디움 신텐스 ATCC 35704] >gb|EDS06436.1| 가설 단백질 CLOSCI_02385 [클로스트리디움 신텐스 ATCC 35704]
- 270 YP_001546377.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [헤르페토시폰 아우란티아쿠스 DSM 785] >gb|ABX06249.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [헤르페토시폰 아우란티아쿠스 DSM 785]
- 271 ZP_01995753.1 가설 단백질 DORLON_01748 [도레아 롱기카테나 DSM 13814] >gb|EDM62932.1| 가설 단백질 DORLON_01748 [도레아 롱기카테나 DSM 13814]
- 272 ZP_08602931.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_57FAA] >gb|EGN37157.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_57FAA]
- 273 YP_003409821.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오더마토피루스 오브스큐루스 DSM 43160] >gb|ADB75450.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오더마토피루스 오브스큐루스 DSM 43160]

- 274 YP_004839529.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [로세부리아 호미니스 A2-183]
>gb|AEN97597.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [로세부리아 호미니스 A2-183]
- 275 ZP_08864377.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 중 A2]
>gb|EGY27050.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 중 A2]
- 276 ZP_05733053.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [디알리스터 인비수스 DSM 15470]
>gb|EEW96489.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [디알리스터 인비수스 DSM 15470]
- 277 YP_003270118.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [할리안기움 오크라세움 DSM 14365]
>gb|ACY18225.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [할리안기움 오크라세움 DSM 14365]
- 278 YP_001717534.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칸다다투스 테슬포루디스 아우탁스비아토르 MP104C] >gb|ACA59902.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸다다투스 테슬포루디스 아우탁스비아토르 MP104C]
- 279 YP_003317021.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩마나에로비브리오 아시다미노보란스 DSM 6589] >gb|ACZ18739.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩마나에로비브리오 아시다미노보란스 DSM 6589]
- 280 NP_622165.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4] >gb|AAM23769.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4]
- 281 ZP_05346627.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시젠스 DSM 14469] >gb|EET60596.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시젠스 DSM 14469]
- 282 ZP_04451325.1 가설 단백질 GCWU000182_00609 [아비오토로피아 테펙티바 ATCC 49176] >gb|EEP26742.1| 가설 단백질 GCWU000182_00609 [아비오토로피아 테펙티바 ATCC 49176]
- 283 NP_623674.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4] >gb|AAM25278.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4]
- 284 ZP_02037832.1 가설 단백질 BACCAP_03451 [박테로이데스 카펠로수스 ATCC 29799] >gb|EDM98649.1| 가설 단백질 BACCAP_03451 [박테로이데스 카펠로수스 ATCC 29799]
- 285 EGS35366.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 SY403409CC001050417]
- 286 ZP_05092205.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카르복시디브라키움 파시피쿰 DSM 12653] >gb|EEB75911.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카르복시디브라키움 파시피쿰 DSM 12653]
- 287 ZP_08419913.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [루미노코카세아에 박테리움 D16] >gb|EGJ46860.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [루미노코카세아에 박테리움 D16]
- 288 YP_001692807.1 ATP-의존성 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 알파 [피네폴디아 마그나 ATCC 29328] >dbj|BAG08917.1| ATP-의존성 엑소테옥시리보뉴클레아제 알파 서브유닛 [피네폴디아 마그나 ATCC 29328]
- 289 ZP_07268899.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 ACS-171-V-Col3] >gb|EFK93755.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 ACS-171-V-Col3]
- 290 ZP_06598130.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 타손 078 균주 F0262] >gb|EFE92376.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 타손 078 균주 F0262]

- 291 [YP_003807812.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075]
>gb|ADK85218.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075]
- 292 [ZP_02233368.1](#) 가설 단백질 DORFOR_00200 [도레아 포르미시제네란스 ATCC 27755] >gb|EDR48458.1| 가설 단백질 DORFOR_00200 [도레아 포르미시제네란스 ATCC 27755]
- 293 [ZP_02037912.1](#) 가설 단백질 BACCAP_03531 [박테로이데스 카펠로루스 ATCC 29799] >gb|EDM98729.1| 가설 단백질 BACCAP_03531 [박테로이데스 카펠로루스 ATCC 29799]
- 294 [ZP_07202886.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [델타 프로테오박테리움 NaphS2] >gb|EFK07799.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [델타 프로테오박테리움 NaphS2]
- 295 [YP_003152507.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보티이 DSM 20548] >gb|ACV28786.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보티이 DSM 20548]
- 296 [ZP_04861948.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 D 균주 1873] >gb|EES92440.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 D 균주 1873]
- 297 [ZP_07398794.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웬토니필루스 두에르테니이 ATCC BAA-1640] >gb|EFM26120.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웬토니필루스 두에르테니이 ATCC BAA-1640]
- 298 [YP_867272.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [마그네토코쿠스 중 MC-1] >gb|ABK45866.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [마그네토코쿠스 중 MC-1]
- 299 [YP_003852761.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 썬모사카로리티쿰 DSM 571] >gb|ADL69677.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 썬모사카로리티쿰 DSM 571]
- 300 [ZP_07959337.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 8_1_57FAA] >ref|ZP_08339014.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_46FAA] >ref|ZP_08618792.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_1_57FAA] >gb|EFV19583.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 8_1_57FAA] >gb|EGG82156.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_46FAA] >gb|EGN46450.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_1_57FAA]
- 301 [YP_004020312.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 Eu11c] >gb|ADP84442.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 Eu11c]
- 302 [ZP_05055731.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움 DG1235] >gb|EDY80871.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움 DG1235]
- 303 [YP_002936648.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 렉탈레 ATCC 33656] >gb|ACR74514.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 렉탈레 ATCC 33656]
- 304 [ZP_02620578.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 C 균주 에클문드] >gb|EDS78262.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 C 균주 에클문드]
- 305 [CBK80090.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [코프로코쿠스 카투스 GD/7]
- 306 [ZP_08865335.1](#) 가설 단백질 DA2_1615 [테슬포비브리오 중 A2] >gb|EGY26242.1| 가설 단백질 DA2_1615 [테슬포비브리오 중 A2]
- 307 [YP_004309919.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427] >gb|ADZ84721.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]

- 308 [YP_004471588.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 자일라놀리티쿰 LX-11] >gb|AEF17916.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 자일라놀리티쿰 LX-11]
- 309 [CBL21608.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 중 SR1/5]
- 310 [YP_003844493.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B] >ref|ZP_07631739.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B] >gb|ADL52729.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B]
- 311 [ZP_07321245.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 BVS033A4] >gb|EFL54046.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 BVS033A4]
- 312 [YP_699450.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 페르프린젠스 SM101] >gb|ABG87381.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린젠스 SM101]
- 313 [ZP_03781777.1](#) 가설 단백질 RUMHYD_01213 [블라우티아 히드로게노트로피카 DSM 10507] >gb|EEG49865.1| 가설 단백질 RUMHYD_01213 [블라우티아 히드로게노트로피카 DSM 10507]
- 314 [YP_002435820.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 불가리스 균주 '미야자키 F'] >gb|ACL08352.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 불가리스 균주 '미야자키 F']
- 315 [ZP_02042737.1](#) 가설 단백질 RUMGNA_03541 [루미노코쿠스 그나부스 ATCC 29149] >gb|EDN75918.1| 가설 단백질 RUMGNA_03541 [루미노코쿠스 그나부스 ATCC 29149]
- 316 [YP_004003526.1](#) 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 오웬센시스 OL] >gb|ADQ05726.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 오웬센시스 OL]
- 317 [ZP_04666257.1](#) 헬리카제 [클로스트리디알레스 박테리움 1_7_47_FAA] >gb|EEQ62058.1| 헬리카제 [클로스트리디알레스 박테리움 1_7_47_FAA]
- 318 [YP_004025165.1](#) 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크로노즈키엔시스 2002] >gb|ADQ47346.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크로노즈키엔시스 2002]
- 319 [YP_003937377.1](#) DNA-결합 단백질 [클로스트리디움 스틱클란다이 DSM 519] >emb|CBH22472.1| 추정 DNA-결합 단백질 [클로스트리디움 스틱클란다이]
- 320 [ZP_03777575.1](#) 가설 단백질 CLOHYLEM_04627 [클로스트리디움 힐레모나에 DSM 15053] >gb|EEG75397.1| 가설 단백질 CLOHYLEM_04627 [클로스트리디움 힐레모나에 DSM 15053]
- 321 [ZP_02089268.1](#) 가설 단백질 CLOBOL_06837 [클로스트리디움 볼테아에 ATCC BAA-613] >gb|EDP12917.1| 가설 단백질 CLOBOL_06837 [클로스트리디움 볼테아에 ATCC BAA-613]
- 322 [ZP_06946532.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [피네폴디아 마그나 ATCC 53516] >gb|EFH93297.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [피네폴디아 마그나 ATCC 53516]
- 323 [ZP_03762681.1](#) 가설 단백질 CLOSTASPAR_06723 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM 15981] >gb|EEG51243.1| 가설 단백질 CLOSTASPAR_06723 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM 15981]
- 324 [ZP_08933657.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웹토니필루스 인돌리쿠스 ATCC 29427] >gb|EGY80875.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웹토니필루스 인돌리쿠스 ATCC 29427]
- 325 [YP_003759289.1](#) UvrD/REP 헬리카제 [데할로게니모나스 리칸트로포레펜스 BL-DC-9] >gb|ADJ26968.1| UvrD/REP 헬리카제 [데할로게니모나스

- 리칸트로포레펠렌스 BL-DC-9]
- 326 JP_02865223.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 C 균주 JGS1495] >gb|EDS79800.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 C 균주 JGS1495]
- 327 YP_002315104.1 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [아녹시바실루스 플라비썬무스 WK1] >gb|ACJ33119.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [아녹시바실루스 플라비썬무스 WK1]
- 328 YP_003820655.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1] >gb|ADL03032.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
- 329 NP_563091.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 균주 13] >ref|ZP_02639346.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 CPE 균주 F4969] >ref|ZP_02951709.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 D 균주 JGS1721] >dbj|BAB81881.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [클로스트리디움 페르프린겐스 균주 13] >gb|EDT27019.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 CPE 균주 F4969] >gb|EDT73168.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 D 균주 JGS1721]
- 330 ZP_02631593.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 E 균주 JGS1987] >gb|EDT15560.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 E 균주 JGS1987]
- 331 YP_754748.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [신티로포모난스 올페이 아종 올페이 균주 피팅겐] >gb|ABI69377.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [신티로포모난스 올페이 아종 올페이 균주 피팅겐]
- 332 YP_002574552.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칼디셀룰로시쿰토르 베스지이 DSM 6725] >gb|ACM61779.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시쿰토르 베스지이 DSM 6725]

- 333 [ZP_02641429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 NCTC 8239] >gb|EDT79540.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 NCTC 8239]
- 334 [YP_004121351.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2] >gb|ADU62605.1| ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
- 335 [EGC82456.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보터이 ACS-065-V-Col13]
- 336 [YP_004199699.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [게오박터 중 M18] >gb|ADW14423.1| ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [게오박터 중 M18]
- 337 [ZP_08616225.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_4_56FAA] >gb|EGN37403.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_4_56FAA]
- 338 [ZP_06113685.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479] >gb|EFC99908.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
- 339 [ZP_03799911.1](#) 가설 단백질 COPCOM_02174 [코프로코쿠스 코메스 ATCC 27758] >gb|EEG89195.1| 가설 단백질 COPCOM_02174 [코프로코쿠스 코메스 ATCC 27758]
- 340 [YP_003841513.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시룸토르 오브시디안시스 OB47] >gb|ADL43527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시룸토르 오브시디안시스 OB47]
- 341 [YP_004464342.1](#) RecD/TraA 패밀리 ATP-의존성 DNA 헬리카제 [마헬라 아우스트랄리엔시스 50-1 BON] >gb|AEE97520.1| ATP-의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [마헬라 아우스트랄리엔시스 50-1 BON]
- 342 [YP_696854.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 페르프린겐스 ATCC 13124] >ref|ZP_02635730.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 B 균주 ATCC 3626] >gb|ABG84528.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 ATCC 13124] >gb|EDT23956.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 B 균주 ATCC 3626]
- 343 [ZP_03167580.1](#) 가설 단백질 RUM_LAC_01253 [루미노코쿠스 락타리스 ATCC 29176] >gb|EDY32968.1| 가설 단백질 RUM_LAC_01253 [루미노코쿠스 락타리스 ATCC 29176]
- 344 [YP_847893.1](#) 가설 단백질 Sfum_3789 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB] >gb|ABK19458.1| 가설 단백질 Sfum_3789 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB]
- 345 [ZP_05430222.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 2360] >ref|ZP_06249816.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 JW20] >gb|EEU00921.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 2360] >gb|EFB38140.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 JW20] >gb|ADU75902.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 1313]
- 346 [ZP_02211142.1](#) 가설 단백질 CLOBAR_00740 [클로스트리디움 바르틀레티이 DSM 16795] >gb|EDQ97464.1| 가설 단백질 CLOBAR_00740 [클로스트리디움 바르틀레티이 DSM 16795]
- 347 [YP_388414.2](#) UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20] >gb|ABB38719.2| UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 348 [YP_003807790.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075] >gb|ADK85196.1| ATP-의존성 RecD/TraA

- 349 YP_003993640.1 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬라르쿨루스 바아르시이 DSM 2075]
헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 히드로썬말리스 108]
>gb|ADQ08271.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르
히드로썬말리스 108]
- 350 YP_001038644.1 ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [클로스트리디움
썬모셀룸 ATCC 27405] >gb|ABN53451.1| 헬리카제, RecD/TraA
패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405]
- 351 ZP_06597516.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 078 균주
F0262] >gb|EFE93013.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움
중 오랄 탁손 078 균주 F0262]
- 352 YP_004799933.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 락토아세티쿠스
6A] >gb|AEM74956.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시움토르 락토아세티쿠스 6A]
- 353 YP_001179036.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칼디셀룰로시움토르 사카로리티쿠스
DSM 8903] >gb|ABP65845.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시움토르 사카로리티쿠스 DSM 8903]
- 354 ZP_03759537.1 가설 단백질 CLOSTASPAR_03561 [클로스트리디움
아스파라기포르메 DSM 15981] >gb|EEG54369.1| 가설 단백질
CLOSTASPAR_03561 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM
15981]
- 355 ZP_04564978.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 V 알파 [몰리큐테스 박테리움
D7] >gb|EEO32408.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 V 알파
[코프로마실루스 중 D7]
- 356 YP_001557372.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 피토펬르멘탄스 ISDg]
>gb|ABX40633.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움
피토펬르멘탄스 ISDg]
- 357 ZP_02094462.1 가설 단백질 PEPMIC_01228 [파르비모나스 미크라 ATCC 33270]
>gb|EDP23424.1| 가설 단백질 PEPMIC_01228 [파르비모나스 미크라
ATCC 33270]
- 358 ZP_02428906.1 가설 단백질 CLORAM_02328 [클로스트리디움 라모숨 DSM 1402]
>gb|EDS17533.1| 가설 단백질 CLORAM_02328 [클로스트리디움
라모숨 DSM 1402]
- 359 ZP_07367500.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [페디오코쿠스
아시디락티시 DSM 20284] >gb|EFL96568.1|
엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [페디오코쿠스
아시디락티시 DSM 20284]
- 360 YP_004027603.1 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크리스티안소나이
177R1B] >gb|ADQ41990.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시움토르 크리스티안소나이 177R1B]
- 361 ZP_02420394.1 가설 단백질 ANACAC_03011 [아나에로스티페스 카카에 DSM 14662]
>ref|ZP_07931518.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아나에로스티페스
중 3_2_56FAA] >gb|EDR96388.1| 가설 단백질 ANACAC_03011
[아나에로스티페스 카카에 DSM 14662] >gb|EFV22263.1| RecD/TraA
패밀리 헬리카제 [아나에로스티페스 중 3_2_56FAA]
- 362 ZP_08707741.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베일로넬라 중 오랄 탁손 780 균주
F0422] >gb|EGS33427.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베일로넬라 중
오랄 탁손 780 균주 F0422]
- 363 ZP_08532372.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼달칼리바실루스 썬마룸 TA2.A1]
>gb|EGL83511.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼달칼리바실루스
썬마룸 TA2.A1]
- 364 YP_003119362.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테눌리스포라 아시디필라 DSM
44928] >gb|ACU77521.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[카테눌리스포라 아시디필라 DSM 44928]

- 365 YP_001821497.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [오피투투스 테라에 PB90-1]
>gb|ACB77897.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오피투투스 테라에 PB90-1]
- 366 YP_003427313.1 ATP-의존성 엑소 DNAse V [바실루스 슈도피르무스 OF4]
>gb|ADC50421.1| ATP-의존성 엑소 DNAse V [바실루스 슈도피르무스 OF4]
- 367 ZP_07036639.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 중 오랄 타손 386 균주 F0131]>gb|EFI41783.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 중 오랄 타손 386 균주 F0131]
- 368 YP_004091069.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [에타놀리게넨스 하르비넨세 YUAN-3]
>gb|ADU26338.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [에타놀리게넨스 하르비넨세 YUAN-3]
- 369 ZP_06197663.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [페디오코쿠스 아시디락티시 7_4]
>gb|EFA26123.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [페디오코쿠스 아시디락티시 7_4]
- 370 ZP_06409626.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
>gb|EFD00750.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
- 371 ZP_08339411.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 2_1_46FAA]>gb|EGG82685.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 2_1_46FAA]
- 372 YP_004883288.1 추정 뉴클레아제 [오실리박터 발레리시게네스 Sjm18-20]
>dbj|BAL00783.1| 추정 뉴클레아제 [오실리박터 발레리시게네스 Sjm18-20]
- 373 YP_004396914.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보톨리눔 BKT015925]
>gb|AEB76917.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 BKT015925]
- 374 YP_002950456.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 WCH70]
>gb|ACS25190.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 WCH70]
- 375 YP_387402.1 UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
>gb|ABB37707.1| UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 376 YP_002771377.1 가설 단백질 BBR47_18960 [브레비바실루스 브레비스 NBRC 100599]
>dbj|BAH42873.1| 보존된 가설 단백질 [브레비바실루스 브레비스 NBRC 100599]
- 377 ZP_01173819.1 YrrC [바실루스 중 NRRL B-14911]>gb|EAR63466.1| YrrC [바실루스 중 NRRL B-14911]
- 378 ZP_02074502.1 가설 단백질 CLOL250_01272 [클로스트리디움 중 L2-50]
>gb|EDO58134.1| 가설 단백질 CLOL250_01272 [클로스트리디움 중 L2-50]
- 379 ZP_02951515.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 5521]
>ref|ZP_04526701.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 E4 균주 BoNT E BL5262]>gb|EDT73473.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 5521]>gb|EEP55470.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 E4 균주 BoNT E BL5262]
- 380 ZP_07326697.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
>gb|EFL61996.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
- 381 ZP_08662208.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 중 오랄 타손 056 균주 F0418]>gb|EGP66648.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 중 오랄 타손 056 균주 F0418]

- 382 [ZP_07709630.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [바실루스 종 m3-13]
383 [ZP_08151018.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 4_1_37FAA] >gb|EGC74634.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 4_1_37FAA]
- 384 [ZP_05855961.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [블라우티아 한세나이 DSM 20583] >gb|EEX20129.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [블라우티아 한세나이 DSM 20583]
- 385 [ZP_08333468.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 6_1_63FAA] >gb|EGG81209.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 6_1_63FAA]
- 386 [ZP_01967327.1](#) 가설 단백질 RUMTOR_00874 [루미노코쿠스 토르쿠에스 ATCC 27756] >gb|EDK25071.1| 가설 단백질 RUMTOR_00874 [루미노코쿠스 토르쿠에스 ATCC 27756]
- 387 [ZP_07843612.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 아종 호미니스 C80] >gb|EFS18629.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 아종 호미니스 C80]
- 388 [ZP_08335292.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 9_1_43BFAA] >gb|EGG85883.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 9_1_43BFAA]
- 389 [YP_002425519.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아지디티오바실루스 페로옥시단스 ATCC 23270] >gb|ACK80668.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아지디티오바실루스 페로옥시단스 ATCC 23270]
- 390 [ZP_08074741.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [메틸로시스티스 종 ATCC 49242] >gb|EFX97601.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [메틸로시스티스 종 ATCC 49242]
- 391 [ZP_03288021.1](#) 가설 단백질 CLONEX_00200 [클로스트리디움 벡실레 DSM 1787] >gb|EEA83897.1| 가설 단백질 CLONEX_00200 [클로스트리디움 벡실레 DSM 1787]

- 392 [NP_349457.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 ATCC 824] >ref|YP_004637509.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 DSM 1731] >gb|AAK80797.1|AE007783_4 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 ATCC 824] >gb|ADZ21898.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 EA 2018] >gb|AEI34320.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 DSM 1731]
- 393 [YP_535621.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실루스 살리마리우스 UCC118] >gb|ABD99538.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실루스 살리마리우스 UCC118]
- 394 [YP_001514053.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [알칼리필루스 오렐란디이 OhILAs] >gb|ABW20057.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알칼리필루스 오렐란디이 OhILAs]
- 395 [ZP_06059658.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 종 2_1_36FAA] >gb|EEY81040.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 종 2_1_36FAA]
- 396 [ZP_04059935.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 SK119] >gb|EEK12222.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 SK119]
- 397 [AEN87514.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [바실루스 메가테리움 WSH-002]
- 398 [YP_003988429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y4.1MC1] >ref|YP_004587154.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [게오바실루스 썬모글루코시아시우스 C56-YS93] >gb|ADP73818.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y4.1MC1] >gb|AEH47073.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬모글루코시아시우스 C56-YS93]
- 399 [NP_781026.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클로스트리디움 테타니 E88] >gb|AAO34963.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클로스트리디움 테타니 E88]
- 400 [YP_004707292.1](#) 가설 단백질 CXIVA_02230 [클로스트리디움 종 SY8519] >dbj|BAK46190.1| 가설 단백질 CXIVA_02230 [클로스트리디움 종 SY8519]
- 401 [YP_003590771.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912] >gb|ADG07627.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
- 402 [ZP_03708405.1](#) 가설 단백질 CLOSTMETH_03166 [클로스트리디움 메틸펜토숨 DSM 5476] >gb|EEG29226.1| 가설 단백질 CLOSTMETH_03166 [클로스트리디움 메틸펜토숨 DSM 5476]
- 403 [ZP_07904646.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 사부레움 DSM 3986] >gb|EFU76460.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 사부레움 DSM 3986]
- 404 [ZP_08463854.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [테스모스포라 종 8437] >gb|EGK12279.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [테스모스포라 종 8437]
- 405 [YP_003339261.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021] >gb|ACZ86518.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021]
- 406 [ZP_07356412.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 종 3_1_syn3] >gb|EFL86816.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 종

- 3_1_syn3]
- 407 [YP_004310482.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]
>gb|ADZ85284.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]
- 408 [YP_003565054.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 QMB1551]
>ref|YP_003599776.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 DSM 319] >gb|ADE71620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 QMB1551] >gb|ADF41426.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 DSM 319]
- 409 [EGM50608.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리마리우스 GJ-24]
- 410 [ZP_07454758.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 유리아 아종 마르가레티아에 ATCC 43715] >gb|EFM38810.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 유리아 아종 마르가레티아에 ATCC 43715]
- 411 [CBL17987.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 종 18P13]
- 412 [ZP_03917092.1](#) 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아나에로코쿠스 락토리티쿠스 ATCC 51172] >gb|EEI85261.1| 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아나에로코쿠스 락토리티쿠스 ATCC 51172]
- 413 [ZP_08757131.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파르비모나스 종 오랄 탁손 393 균주 F0440] >gb|EGV09654.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파르비모나스 종 오랄 탁손 393 균주 F0440]
- 414 [EGL99465.1](#) recD-유사 DNA 헬리카제 YrrC [락토바실루스 살리마리우스 NIAS840]
- 415 [ZP_01725995.1](#) 가설 단백질 BB14905_09550 [바실루스 종 B14905] >gb|EAZ83487.1| 가설 단백질 BB14905_09550 [바실루스 종 B14905]
- 416 [YP_003590260.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
>gb|ADG07116.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
- 417 [ZP_07206301.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리마리우스 ACS-116-V-Col5a] >gb|EFK79981.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리마리우스 ACS-116-V-Col5a]
- 418 [YP_001680910.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠, RecD [헬리오박테리움 모데스티칼둠 Ice1] >gb|ABZ84899.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠, RecD [헬리오박테리움 모데스티칼둠 Ice1]
- 419 [YP_003821341.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
>gb|ADL03718.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
- 420 [ZP_08005791.1](#) YrrC 단백질 [바실루스 종 2_A_57_CT2] >gb|EFV77442.1| YrrC 단백질 [바실루스 종 2_A_57_CT2]
- 421 [YP_002560662.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [마크로코쿠스 카세올리티쿠스 JCSC5402] >dbj|BAH17966.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 상동체 [마크로코쿠스 카세올리티쿠스 JCSC5402]
- 422 [ZP_05028653.1](#) 가설 단백질 MC7420_1174 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420] >gb|EDX73378.1| 가설 단백질 MC7420_1174 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420]
- 423 [CCC58043.1](#) RecD-유사 DNA 헬리카제 YrrC [칼로라마토르 아우스트랄리쿠스 RC3]
- 424 [YP_001699482.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [리시니바실루스 스파에리쿠스 C3-41] >gb|ACA41352.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [리시니바실루스 스파에리쿠스 C3-41]
- 425 [ZP_02616886.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 Bf]
>ref|YP_002861039.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움

- 보툴리눔 Ba4 균주 657] >gb|EDT86566.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 Bf] >gb|ACQ54203.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 Ba4 균주 657]
- 426 [XP_001420006.1](#) 추정 단백질 [오스트레오코쿠스 루시마리누스 CCE9901] >gb|ABO98299.1| 추정 단백질 [오스트레오코쿠스 루시마리누스 CCE9901]
- 427 [YP_001779796.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 B1 균주 오크라] >gb|ACA44298.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 B1 균주 오크라]
- 428 [YP_001389532.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 F 균주 랑게란트] >gb|ABS40458.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 F 균주 랑게란트]
- 429 [ZP_02993715.1](#) 가설 단백질 CLOSPO_00789 [클로스트리디움 스포로게네스 ATCC 15579] >gb|EDU37972.1| 가설 단백질 CLOSPO_00789 [클로스트리디움 스포로게네스 ATCC 15579]
- 430 [ZP_01964108.1](#) 가설 단백질 RUMOB_E_01832 [루미노코쿠스 오베움 ATCC 29174] >gb|EDM87651.1| 가설 단백질 RUMOB_E_01832 [루미노코쿠스 오베움 ATCC 29174]
- 431 [ZP_03227028.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V [바실루스 코아후일렌시스 m4-4]
- 432 [YP_001252714.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 3502] >ref|YP_001382573.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 19397] >ref|YP_001386126.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 홀] >emb|CAL81722.1| 추정 DNA-상호작용 단백질 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 3502] >gb|ABS34000.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 19397] >gb|ABS37455.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 홀]
- 433 [YP_001307573.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 베이에린키이 NCIMB 8052] >gb|ABR32617.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 베이에린키이 NCIMB 8052]
- 434 [ZP_08091201.1](#) 가설 단백질 HMPREF9474_02952 [클로스트리디움 심비오숨 WAL-14163] >gb|EGA93217.1| 가설 단백질 HMPREF9474_02952 [클로스트리디움 심비오숨 WAL-14163]
- 435 [CBZ01987.1](#) recd-유사 DNA 헬리카제 YrrC [클로스트리디움 보툴리눔 H04402 065]
- 436 [ZP_06620580.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 산구이니스 PC909] >ref|ZP_08168271.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 종 HGF1] >gb|EFF65067.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 산구이니스 PC909] >gb|EGC91394.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 종 HGF1]
- 437 [ZP_02612165.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 NCTC 2916] >gb|EDT83351.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 NCTC 2916]
- 438 [ZP_03464124.1](#) 가설 단백질 BACPEC_03225 [박테로이테스 팩티노필루스 ATCC 43243] >gb|EEC56716.1| 가설 단백질 BACPEC_03225 [박테로이테스 팩티노필루스 ATCC 43243]
- 439 [ZP_05427870.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 사페눔 ATCC 49989] >gb|EEU03537.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 사페눔 ATCC 49989]
- 440 [ZP_04819493.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W1] >gb|EES40075.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스

- 441 [CBL16176.1](#) 에피테미디스 M23864:W1]
 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 브로미이 L2-63]
 442 [CBK73489.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [부티리비브리오 피브리솔렌스 16/4]
 443 [XP_003081706.1](#) 데히드로게나제 키나제 (ISS) [오스트레오코쿠스 타우리]
 >emb|CAL56230.1| 데히드로게나제 키나제 (ISS) [오스트레오코쿠스 타우리]
 444 [ZP_06425429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [Pepto 스트렙토코쿠스 아나에로비우스 653-L] >gb|EFD04662.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
 [Pepto 스트렙토코쿠스 아나에로비우스 653-L]
 445 [ZP_08539226.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 108 균주 F0425] >gb|EGL37546.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 108 균주 F0425]
 446 [ZP_04008608.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실러스 살리마리우스 ATCC 11741] >gb|EEJ74633.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실러스 살리마리우스 ATCC 11741]
 447 [ZP_08525848.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 안지노수스 SK52] >gb|EGL43884.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 안지노수스 SK52]
 448 [ZP_08245897.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 NCFD 2020] >gb|EGE54499.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 NCFD 2020]
 449 [ZP_06290581.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 라크리말리스 315-B] >gb|EFA90662.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 라크리말리스 315-B]
 450 [ZP_08680798.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스포로사르시나 뉴욕엔시스 2681] >gb|EGQ19222.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스포로사르시나 뉴욕엔시스 2681]

- 451 [YP_002802482.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A2 균주 교토] >gb|ACO83762.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A2 균주 교토]
- 452 [YP_001449573.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 고르도니이 균주 칼리스 하위균주 CH1] >gb|ABV09553.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 고르도니이 균주 칼리스 하위균주 CH1]
- 453 [ZP_01862085.1](#) 가설 단백질 BSG1_18450 [바실루스 중 SG-1] >gb|EDL62855.1| 가설 단백질 BSG1_18450 [바실루스 중 SG-1]
- 454 [YP_001785497.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A3 균주 로호 마레에] >gb|ACA54654.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A3 균주 로호 마레에]
- 455 [EFV89168.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [스타필로코쿠스 에피더미디스 FRI909]
- 456 [ZP_07956105.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_63FAA] >gb|EFV17076.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_63FAA]
- 457 [ZP_03055915.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 푸밀루스 ATCC 7061] >gb|EDW20741.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 푸밀루스 ATCC 7061]
- 458 [ZP_04797338.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 W23144] >gb|EES35980.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 W23144]
- 459 [EGS77340.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU105]
- 460 [YP_004478259.1](#) 가설 단백질 STP_0139 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 KCTC 11537] >gb|AEF24587.1| 가설 단백질 STP_0139 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 KCTC 11537]
- 461 [ZP_08605488.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_57FAA_CT1] >gb|EGN41968.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_57FAA_CT1]
- 462 [ZP_08643227.1](#) 가설 단백질 BRLA_c44940 [브레비바실루스 라테로스포르스 LMG 15441] >gb|EGP32345.1| 가설 단백질 BRLA_c44940 [브레비바실루스 라테로스포르스 LMG 15441]
- 463 [ZP_06875615.1](#) DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 ATCC 6633] >ref|YP_003867004.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 균주 W23] >gb|EFG90256.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 ATCC 6633] >gb|ADM38695.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 균주 W23]
- 464 [ZP_04678546.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 와르네리 L37603] >gb|EEQ79317.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 와르네리 L37603]
- 465 [ZP_06613101.1](#) 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W2(그레이)] >gb|EFE59825.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W2(그레이)] >gb|EGG71682.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU045] >gb|EGG73433.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU028] >gb|EGS79799.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU037]
- 466 [ZP_02441706.1](#) 가설 단백질 ANACOL_00987 [아에로트류쿠스 콜리호미니스 DSM 17241] >gb|EDS12144.1| 가설 단백질 ANACOL_00987

- 467 [YP_188759.1](#) [아에로트룬쿠스 콜리호미니스 DSM 17241] RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 에피테미디스 RP62A] >ref|ZP_04825499.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피테미디스 BCM-HMP0060] >ref|ZP_06284822.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 SK135] >gb|AAW54556.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 RP62A] >gb|EES58101.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피테미디스 BCM-HMP0060] >gb|EFA87507.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 SK135] >gb|EGS80972.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 VCU107]
- 468 [ZP_02440294.1](#) 가설 단백질 CLOSS21_02797 [클로스트리디움 종 SS2/1] >gb|EDS20344.1| 가설 단백질 CLOSS21_02797 [클로스트리디움 종 SS2/1]
- 469 [YP_001919909.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E3 균주 알라스카 E43] >gb|ACD51527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E3 균주 알라스카 E43]
- 470 [YP_001884722.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 B 균주 에클룬드 17B] >gb|ACD22772.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 B 균주 에클룬드 17B]
- 471 [ZP_02039032.1](#) 가설 단백질 BACCAP_04681 [박테로이데스 카필로수스 ATCC 29799] >gb|EDM97537.1| 가설 단백질 BACCAP_04681 [박테로이데스 카필로수스 ATCC 29799]
- 472 [ZP_07093704.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 타손 836 균주 F0141] >gb|EFK39645.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 타손 836 균주 F0141]
- 473 [YP_001487615.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [바실루스 푸밀루스 SAFR-032] >gb|ABV63055.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [바실루스 푸밀루스 SAFR-032]
- 474 [NP_764857.1](#) 테옥시리보뉴클레아제 [스타필로코쿠스 에피테미디스 ATCC 12228] >gb|AAO04901.1|AE016748_135 테옥시리보뉴클레아제 [스타필로코쿠스 에피테미디스 ATCC 12228]
- 475 [YP_804665.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [페디오코쿠스 펜토사세우스 ATCC 25745] >gb|ABJ68223.1| ATP-의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [페디오코쿠스 펜토사세우스 ATCC 25745]
- 476 [NP_942288.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [지네코시스티스 종 PCC 6803] >dbj|BAD02008.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [지네코시스티스 종 PCC 6803]
- 477 [ZP_07054718.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [리스테리아 그레이이 DSM 20601] >gb|EFI83599.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [리스테리아 그레이이 DSM 20601]
- 478 [EHA31059.1](#) 가설 단백질 BSSC8_15020 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 SC-8]
- 479 [CBL39055.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [부티레이트-생산 박테리움 SSC/2]
- 480 [EGF05416.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1057]
- 481 [YP_003974155.1](#) 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 아트로파에우스 1942] >gb|ADP33224.1| DNA/RNA 헬리카제 모티프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 아트로파에우스 1942]
- 482 [ZP_07822731.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 하레이 ACS-146-V-

- Sch2b] >gb|EFR32349.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 하레이 ACS-146-V-Sch2b]
- 483 [ZP_06348052.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 M62/1] >gb|EFE10725.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 M62/1]
- 484 [ZP_05394746.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 카르복시디보란스 P7] >gb|EET84798.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 카르복시디보란스 P7]
- 485 [YP_004204562.1](#) 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 BSn5] >dbj|BAI86231.1| 가설 단백질 BSNT_03990 [바실루스 서브틸리스 아종 나토 BEST195] >gb|ADV93535.1| DNA/RNA 헬리카제 모티프 단백질을 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 BSn5] >gb|AEP91738.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 RO-NN-1]
- 486 [EGG96535.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU121]
- 487 [YP_003471518.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 HKU09-01] >gb|ADC87391.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 HKU09-01] >emb|CCB53777.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 N920143]
- 488 [ZP_04820712.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E1 균주 'BoNT E 벨루가'] >gb|EES47997.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E1 균주 'BoNT E 벨루가']
- 489 [EGF05816.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1] >gb|EGF22450.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1058]
- 490 [YP_002634323.1](#) 가설 단백질 Sca_1231 [스타필로코쿠스 카르노수스 아종 카르노수스 TM300] >emb|CAL28138.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 카르노수스 아종 카르노수스 TM300]
- 491 [YP_301232.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 사프로피티쿠스 아종 사프로피티쿠스 ATCC 15305] >dbj|BAE18287.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 사프로피티쿠스 아종 사프로피티쿠스 ATCC 15305]
- 492 [ZP_07841151.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 카프라에 C87] >gb|EFS17693.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 카프라에 C87]
- 493 [NP_846841.1](#) 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 아메스] >ref|YP_021271.2| 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 '아메스 안세스터'] >gb|AAP28327.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 아메스] >gb|AAT33746.2| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 '아메스 안세스터']
- 494 [NP_390625.1](#) DNA/RNA 헬리카제 모티프를 갖는 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168] >ref|ZP_03592533.1| 가설 단백질 Bsubs1_15016 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168] >ref|ZP_03596814.1| 가설 단백질 BsubsN3_14932 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 NCIB 3610] >ref|ZP_03601224.1| 가설 단백질 BsubsJ_14843 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 JH642] >ref|ZP_03605505.1| 가설 단백질 BsubsS_14987 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 SMY] >sp|O34481.1|YRRC_BACSU Rec 명칭: 전체=비특성화 단백질 yrrC >emb|CAB14689.1| DNA/RNA 헬리카제 모티프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168]

- 495 ZP_07910981.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 M23590]
>gb|EFU84761.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 M23590]
- 496 YP_001727916.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [류코노스톡 시트레움 KM20]
>gb|ACA82472.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [류코노스톡 시트레움 KM20]
- 497 YP_030537.1 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 스텐] >ref|ZP_00394720.1| COG0507: ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [바실루스 안트라시스 균주 A2012] >ref|ZP_02217379.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0488] >ref|ZP_02394786.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0442] >ref|ZP_02396866.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0193] >ref|ZP_02880816.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0465] >ref|ZP_02899808.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0389] >ref|ZP_02935465.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0174] >ref|ZP_03019946.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 치안코브스키이-I] >ref|YP_002817182.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CDC 684] >ref|YP_002868681.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0248] >ref|ZP_05148010.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CNEVA-9066] >ref|ZP_05194203.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 웨스턴 노스 아메리카 USA6153] >ref|ZP_05199222.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 크루거 B] >ref|ZP_05203403.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 볼룸] >ref|ZP_05209725.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 오스트레일리아 94] >gb|AAT56588.1| 헬리카제, 추정 [바실루스 안트라시스 균주 스텐] >gb|EDR17076.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0488] >gb|EDR88808.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0193] >gb|EDR90879.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0442] >gb|EDS94612.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0389] >gb|EDT17185.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0465] >gb|EDT66567.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0174] >gb|EDV15990.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 치안코브스키이-I] >gb|ACP15012.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CDC 684] >gb|ACQ48807.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0248]
- 498 ZP_04291295.1 헬리카제, RecD/TraA [바실루스 세레우스 R309803] >gb|EEK76998.1| 헬리카제, RecD/TraA [바실루스 세레우스 R309803]
- 499 YP_002751754.1 추정 헬리카제 [바실루스 세레우스 03BB102] >gb|ACO31219.1| 추정 헬리카제 [바실루스 세레우스 03BB102]
- 500 ZP_08091585.1 가설 단백질 HMPREF9474_03336 [클로스트리디움 심비오숨 WAL

표 5는 하기 표인

서열 번호	명칭	공급원	NCBI 참조	RecD2 Dra 에 대한 동일성 %	RecD 모티프 I (서열 번호)	RecD-유사 모티프 V (서열 번호)
18	RecD2 Ama	아카리오클로 리스 마리나	NCBI 참조 서열: YP_001521445.1	29.8	GGPGTGKT (19)	WAVTIHK SQG (20)
21	RecD2 Dde	데이노코쿠스 테세르티	NCBI 참조 서열: YP_002786343.1	12.3	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
24	RecD2 Dge	데이노코쿠스 게오썬탈리스	NCBI 참조 서열: YP_604297.1	79	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
25	RecD2 Hoc	할리안기움 오크라세움 DSM	NCBI 참조 서열: YP_003270118.1	30	GGPGVGKT (26)	YAISVHK SQG (27)
28	RecD2 Nth	나트라나에로 비우스 썬모필루스	NCBI 참조 서열: YP_001918465.1	28.6	GGPGTGKT (19)	YCISVHKS QG (29)
30	RecD2 Oan	옥타데카박터 안타르크티쿠 스	NCBI 참조 서열: ZP_05054956.1	31	GGPGVGKT (26)	YAATIHK SQG (31)
32	RecD2 Str	살리니스포라 트로파카	NCBI 참조 서열: YP_001157093.1	31.7	GGPGCGKS (33)	YAMTIHR SQG (34)
35	RecD2 Dth	데숀폰아트로 노스피라 티오디스뮈탄 스	NCBI 참조 서열: ZP_07015918.1	27.6	GGPGTGKS (22)	YAVSIHK SQG (36)
37	RecD2 Nha	니트로소코쿠 스 할로필루스	NCBI 참조 서열: YP_003528424.1	29.8	GGPGVGKT (26)	YATSVHK SQG (38)
39	RecD2 Dre	데솔포할로비 움 레트바엔세	NCBI 참조 서열: YP_003197384.1	32	GGPGTGKT (19)	YAVSVHK SQG (40)
41	RecD2 Dra	데이노코쿠스 라디이두란스	NCBI 참조 서열: NP_295625.1	-	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
42	RecD2 Cch	클로로비움 클로로크로마 티이	NCBI 참조 서열: YP_379155.1	30.8	GGPGVGKT (26)	YATSIHKS QG (43)
44	RecD2 Dma	데이노코쿠스 마리코펜시스	NCBI 참조 서열: YP_004170918.1	67	GGPGTGKS (22)	YALTVHR QGQ (45)

방법.

청구항 13

제12항에 있어서, RecD 헬리카제가

(a) 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42 및 44 중 어느 하나에 나타낸 서열을 포함하고 헬리카제 활성을 보유하는 것인 방법.

청구항 14

제1항에 있어서, RecD 헬리카제가 TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제인 방법.

청구항 15

제14항에 있어서, TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제가

- 아미노산 모티프 H-(X1)₂-X2-R-(X3)₅₋₁₂-H-X4-H (서열 46 내지 53) (여기서 X1 및 X3은 임의의 아미노산이고, X2 및 X4는 D, E, K 및 R을 제외한 임의의 아미노산으로부터 독립적으로 선택됨); 또는
- 아미노산 모티프 G-X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7-H-(X8)₆₋₁₂-H-X9 (서열 54 내지 60) (여기서 X1, X2, X3, X5, X6, X7 및 X9는 D, E, K 및 R을 제외한 임의의 아미노산으로부터 독립적으로 선택되고, X4는 D 또는 E이고, X8은 임의의 아미노산임)

를 추가로 포함하는 것인 방법.

청구항 16

제14항에 있어서, TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제가 하기 모티프

- (a) GYAGVGKT (서열 62), YAITAHGAQG (서열 63) 및 HDTSRDQEPQLHTH (서열 64);
- (b) GIAGAGKS (서열 66), YALNVHMAQG (서열 67) 및 HDTNRNQEPNLHFH (서열 68);
- (c) GAAGAGKT (서열 70), YCITHRSQG (서열 71) 및 HEDARTVDDIADPQLHTH (서열 72);
- (d) GFAGIGKS (서열 75), YATTVHSSQG (서열 76) 및 HETSRERDPQLHTH (서열 77);
- (e) GRAGAGKT (서열 79), YATTIHSQG (서열 80) 및 GMVADWVYHDNPGNPHIH (서열 81);
- (f) GAAGTGKT (서열 83), YASTAHKSQG (서열 84) 및 HSTSRAQDPHLHSH (서열 85);
- (g) GHAGAGKT (서열 87), YAGTTHRNQG (서열 88) 및 HASSREQDPQIHSH (서열 89);
- (h) GLAGTGKT (서열 91), YAVTSHSSQG (서열 92) 및 HDTARPVNGYAAPQLHTH (서열 93);
- (i) GPAGAGKT (서열 95), YAITAHRAQG (서열 96) 및 HYDSRAGDPQLHTH (서열 97);
- (j) GWAGVGKT (서열 99), YAVTADHMQG (서열 100) 및 HLCGRLDPOIHNH (서열 101);
- (k) GVAGAGKT (서열 103), YALTIDSAQG (서열 104) 및 HMTSGDGSPLHVVH (서열 105);
- (l) GYAGTGKS (서열 107), YAATIHKAQG (서열 108) 및 GMIADLVNVHWDIGEDGKAKPHAH (서열 109);
- (m) GIAGAGKS (서열 66), YALNAHMAQG (서열 67) 및 HDTNRNQEPNLHFH (서열 111);
- (n) GVAGAGKS (서열 115), YALNAHMAQG (서열 67) 및 HDTNRNQEPNAHFH (서열 116);

- (o) GGAGVGKS (서열 118), YAINVHIAQG (서열 119) 및 HDVSRNNDPQLHVH (서열 120);
- (p) GIAGAGKS (서열 66), YALNMHMAQG (서열 122) 및 HDTSRALDPQGHIIH (서열 123);
- (q) GVAGAGKS (서열 115), YALNAHMAQG (서열 67) 및 HDTSRALDPQGHIIH (서열 123);
- (r) GRAGTGKT (서열 126), FASTAHGAQG (서열 127) 및 HEASRNLDLPQLHSH (서열 128);
- (s) GYAGTGKT (서열 130), YAMTSHAAQG (서열 131) 및 HDISRDKDPQLHTH (서열 132);
- (t) GLAGTGKT (서열 91), YAQTVHASQG (서열 134) 및 HNTSRDLDPQTHTH (서열 135);
- (u) GFAGTAKT (서열 137), YVQTAFAAQG (서열 138) 및 HETSRAQDPQLHTH (서열 139);
- (v) GYAGTAKT (서열 141), YVDTAFAAQG (서열 142) 및 HGTSRAQDPQLHTH (서열 143);
- (w) GYAGTAKT (서열 141), YASTAFAAQG (서열 145) 및 HGTSRALDPQLHSH (서열 146);
- (x) GSAGSGKT (서열 148), YAVTSYSAQG (서열 149) 및 HDTARPVGGYAAPQLHTH (서열 150);
- (y) GEAGTGKT (서열 153), YAHTSYKEQG (서열 154) 및 HETNRENEPQLHNNH (서열 155);
- (z) GYAGVAKT (서열 157), YVLTNYKVQG (서열 158) 및 QPSSRANDPALHTH (서열 159);
- (aa) GSAGTGKT (서열 161), YSLTANRAQG (서열 162) 및 HSMSRAGDPEMHNNH (서열 163);
- (bb) AGAGTGKT (서열 165), YAGTVYAAQG (서열 166) 및 HYTTREGDPNIHTH (서열 167); 또는
- (cc) APAGAGKT (서열 169), YAVTVHAAQG (서열 170) 및 HETSRAGDPHLHTH (서열 171)

를 포함하는 것인 방법.

청구항 17

제14항에 있어서, TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제가 표 6 또는 7에 나타난 헬리카제 중 하나이며, 표 6은 하기 표이고

- 1 NP_061483.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [플라스미드 F]
 >sp|P14565.2|TRAI1_ECOLI Rec 명칭: 전체=다관능성 접합
 단백질 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA 릴렉사제 TraI;
 Alt 명칭: 전체=DNA 니카제 TraI; Alt 명칭:
 전체=트랜스에스테라제 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA
 헬리카제 I >gb|AAA98085.1| 헬리카제 I [플라스미드 F]
 >gb|AAC44186.1| TraI [에스케리키아 콜라이] >dbj|BAA97974.1|
 traI [플라스미드 F]
- 2 NP_862951.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >gb|AAO49548.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 3 ZP_03047597.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 E22] >gb|EDV80457.1| 유형 IV 분비-
 유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 E22]
- 4 YP_002038894.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카 아종
 엔테리카 혈청형 켄터키 군주 CVM29188] >gb|ACF57035.1|
 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라
 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 켄터키 군주 CVM29188]
 >gb|ADK62128.1| IncF 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 켄터키]
 >gb|ADK62255.1| IncF 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 켄터키]
- 5 YP_001739898.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 SMS-3-5] >gb|ACB20237.1| 유형 IV
 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 SMS-3-5]
- 6 YP_190115.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >gb|AAW58920.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 7 ZP_08368984.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TA271]
 >gb|EGI36553.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 TA271]
- 8 EFW76779.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹(nicking) 및
 언와인딩(unwinding) 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 EC4100B]

- 9 YP_003829052.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 [에스케리키아 콜라이] >gb|ADL13946.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 10 EGX11991.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 STEC_S1191]
- 11 YP_001919160.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638] >gb|ACD54468.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638]
- 12 ZP_03051102.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 E110019] >gb|EDV86934.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 E110019]
- 13 EGH36328.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 AA86]
- 14 ZP_03030171.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 B7A] >gb|EDV61361.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 B7A]
- 15 EGB88794.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 117-3]
- 16 YP_003829160.1 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb|ADL14054.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 17 EFU55615.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 16-3]
- 18 EGB69775.1 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 TW10509]
- 19 YP_003034058.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 Vir68] >gb|ACT33543.1| 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 Vir68]
- 20 YP_443956.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|ABC42215.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 21 YP_001965416.1 oriT-특이적 릴렉사제; 헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb|ABG29544.1| oriT-특이적 릴렉사제; 헬리카제 [에스케리키아 콜라이]
- 22 AAQ98619.1 DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 23 YP_002401092.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 S88]

- >emb|CAQ87159.1| OriT 니킹 및 인화인딩 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 S88]
- 24 [YP_002332185.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 O127:H6 균주 E2348/69] >emb|CAS07478.1| oriT-특이적 릴렉사제; 헬리카제 [에스케리키아 콜라이 O127:H6 균주 E2348/69]
- 25 [CBG27820.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 26 [YP_001711935.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
>ref|ZP_08353576.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 M718] >gb|ACA34805.1| TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|EGI21737.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 M718]
- 27 [EGI88721.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시켈라 디센테리아에 155-74]
- 28 [ZP_06661276.1](#) 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B088]
>gb|EFE64128.1| 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B088]
- 29 [YP_001481213.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 APEC O1] >gb|ABD51628.1| TraI [에스케리키아 콜라이 APEC O1]
- 30 [ZP_03070008.1](#) 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 101-1] >gb|EDX39128.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 101-1]
- 31 [YP_001919349.1](#) 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638] >gb|ACD54535.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638]
- 32 [YP_001294759.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
>gb|AAK62053.2| w0095 [에스케리키아 콜라이]
- 33 [YP_003232541.1](#) 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O26:H11 균주 11368] >dbj|BAI28866.1| 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O26:H11 균주 11368]
- 34 [YP_003237810.1](#) 니카제 [에스케리키아 콜라이 O111:H- 균주 11128]
>dbj|BAI39380.1| 니카제 [에스케리키아 콜라이 O111:H- 균주 11128] >gb|EFZ66600.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 1180]
- 35 [ADR29948.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O83:H1]

- 균주 NRG 857C]
- 36 [YP_001816549.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 1520]
>emb|CAP07735.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 37 [ZP_07104698.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 119-7]
>gb|EFK43983.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 119-7]
- 38 [ZP_06988741.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 FVEC1302]
>gb|EF121971.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 FVEC1302]
- 39 [YP_003225106.1](#) 추정 TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 O103:H2 균주 12009]
>dbj|BAI33972.1| 추정 TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 O103:H2 균주 12009]
- 40 [AEE59988.1](#) IncF 전달 니카제/헬리카제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 UMNK88]
- 41 [EFZ76933.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 RN587/1]
- 42 [YP_004870085.1](#) 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|AEP03777.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 43 [ZP_08376536.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 H591]
>gb|EGI47868.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 H591]
- 44 [YP_538737.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 UTI89]
>ref|ZP_03035119.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 F11] >ref|YP_003162606.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
>gb|ABE10714.1| DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 UTI89] >gb|EDV65688.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 F11]
>gb|ACU68847.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이] >dbj|BAI57929.1| TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 SE15] >gb|EGB49935.1| 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 H263]
- 45 [NP_052981.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [플라스미드 R100]
>ref|NP_957632.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이] >ref|YP_001096501.1| 접합 전달

- 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >ref|YP_002456225.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [에스케리키아 콜라이] >ref|YP_003377786.1| 접합 전달
 니카제/헬리카제 [시겔라 손네이] >dbj|BAA78885.1| DNA
 헬리카제 I [플라스미드 R100] >gb|AAR25113.1| TraI
 [에스케리키아 콜라이] >gb|ABD60048.1| 접합 전달
 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb|ACL12487.1| 접합
 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >emb|CBI12477.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 [시겔라 손네이]
 >gb|ADK71125.1| 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질
 TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|EGB54615.1| 접합 전달
 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 H489] >gb|AEO51508.1|
 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이] >gb|AEO51606.1| 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩
 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이]
- 46 YP_003294036.1 접합 전달 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이 ETEC
 H10407] >dbj|BAI49262.1| 접합 전달 니카제/헬리카제
 [에스케리키아 콜라이 ETEC H10407]
- 47 YP_002405976.1 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 UMN026]
 >emb|CAQ87444.1| DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이
 UMN026]
- 48 ZP_08344394.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 H736]
 >gb|EGI09712.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 H736]
- 49 ZP_06648569.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
 FVEC1412] >gb|EFF01314.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [에스케리키아 콜라이 FVEC1412]
- 50 CBJ04377.1 DNA 헬리카제 I (TraI) (EC 3.6.1.-) [에스케리키아 콜라이 ETEC
 H10407]
- 51 YP_003329195.1 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ACK98846.1| TraI
 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 52 ADN74088.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 UM146]
- 53 YP_003517627.1 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADD63581.1| TraI
 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 54 YP_788091.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]

- >dbj|BAF33994.1| TraI 단백질 (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이]
- 55 P22706.1 Rec 명칭: 전체=다관능성 접합 단백질 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA 릴렉사제 TraI; Alt 명칭: 전체=DNA 니카제 TraI; Alt 명칭: 전체=트랜스에스테라제 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA 헬리카제 I >emb|CAA39337.1| DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 K-12]
- 56 EGC09761.1 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 E1167]
- 57 EGX11419.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 STEC_MHI813]
- 58 YP_003937647.1 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이] >emb|CBX35963.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이]

- 59 [EGW83369.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 3030-1]
- 60 [EGB59895.1](#) 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 M863]
- 61 [EFZ69441.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 1357]
- 62 [EFU44479.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 110-3]
- 63 [YP_406350.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 보이디이 Sb227] >gb|ABB68998.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 보이디이 Sb227]
- 64 [NP_085415.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a 균주 M90T] >gb|AAK18571.1|AF348706_260 oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a 균주 M90T] >gb|AAW64823.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리]
- 65 [EGW99614.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 STEC_H.1.8]
- 66 [EGK37046.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-227]
- 67 [EFW60434.1](#) IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 CDC 796-83]
- 68 [ZP_07678376.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 디센테리아에 1617] >gb|EFP73899.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 디센테리아에 1617]
- 69 [EFW49146.1](#) IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [시겔라 디센테리아에 CDC 74-1112]
- 70 [AEG39580.1](#) IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 NA114]
- 71 [NP_490592.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 티피뮤리움 LT2] >ref|ZP_02575828.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 4,[5],12:i:- 균주 CVM23701] >ref|YP_003264475.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움] >ref|YP_003864254.1| 접합 전달 oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움] >gb|AAL23509.1| 접합 전달: oriT 니킹-언와인딩 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카

		혈청형 티피뮤리움 균주 LT2] >gb EDZ14213.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 4,[5],12:i:- 균주 CVM23701] >emb CBA11447.1 접합 전달, oriT 니킹- 연와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움] >gb ACY86535.1 접합 전달: oriT 니킹-연와인딩 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움 균주 14028S] >dbj BAJ15403.1 접합 전달 oriT 니킹-연와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움] >dbj BAJ39803.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움 균주 T000240] >gb ADX20374.1 접합 전달 oriT 니킹- 연와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움 균주 ST4/74] >gb AEF10412.1 접합 전달: oriT 니킹-연와인딩 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움 균주 UK-1]
72	EFW56310.1	IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질 TraI [시겔라 보이디이 ATCC 9905]
73	YP_271768.1	접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카] >gb AAY88101.1 접합 전달 oriT 니킹-연와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카]
74	EGP21913.1	단백질 traI [에스케리키아 콜라이 PCN033]
75	EGR70911.1	접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 LB226692]
76	EGB84217.1	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 60-1]
77	ZP_07119795.1	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 198-1] >gb EFJ70726.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 198-1]
78	YP_313447.1	oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편 [시겔라 손네이 Ss046] >gb AAZ91212.1 oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편 [시겔라 손네이 Ss046]
79	EFU49447.1	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 153-1]
80	ZP_07197893.1	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS

		185-1]>gb EFJ53663.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 185-1]
81	<u>ZP_08386420.1</u>	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 H299]>gb EGI48017.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 H299]
82	<u>ZP_07246816.1</u>	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 146-1]>gb EFK89652.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 146-1]
83	<u>YP_406123.1</u>	oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 디센테리아에 Sd197]>gb ABB64635.1 oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 디센테리아에 Sd197]
84	<u>EFZ55097.1</u>	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 손네이 53G]
85	<u>YP_002213911.1</u>	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린 군주 CT_02021853] >gb ACH73493.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린 군주 CT_02021853] >gb EGE27998.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린 군주 SD3246]
86	<u>YP_001716148.1</u>	접합 전달 oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린]>gb ACA51179.1 접합 전달 oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린]>gb AEA95672.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린]
87	<u>EGE32684.1</u>	접합 전달 oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 갈리나룸 군주 SG9]
88	<u>EFZ60917.1</u>	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 LT- 68]
89	<u>EGB40000.1</u>	접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 H120]
90	<u>CAH64717.1</u>	추정 DNA 헬리카제 I [비배양 박테리움]
91	<u>ZP_08351681.1</u>	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 M605]>gb EG112706.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 M605]
92	<u>ZP_08351622.1</u>	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 M605]>gb EG112749.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI

- [에스케리키아 콜라이 M605]
- 93 [YP_001338645.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >ref[YP_001338768.1] 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >ref[ZP_08307093.1] 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [클레브시엘라 종 MS 92-3] >gb|ABR80415.1| oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >gb|ABR80538.1| oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >gb|EGF60807.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [클레브시엘라 종 MS 92-3]
- 94 [EGK29111.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-218] >gb|EGK30401.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-218]
- 95 [NP_858382.1](#) oriT 니킹 및 연와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301] >gb|AAL72418.1| oriT 니킹 및 연와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301]
- 96 [EGT71209.1](#) 가설 단백질 C22711_5245 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 97 [YP_003560496.1](#) oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADE44066.1| oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 98 [YP_003517517.1](#) TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >ref[YP_004249929.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질 [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADD63471.1| TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADX60440.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 99 [ZP_06015312.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 리노스클레로마티스 ATCC 13884] >gb|EEW41559.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 리노스클레로마티스 ATCC 13884]
- 100 [EGJ92351.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-671]
- 101 [YP_003754133.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADJ18707.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI

		[클레브시엘라 뉴모니아에]
102	ADA76996.1	OriT 니킹 및 연와인딩 단백질 [시켈라 플렉스네리 2002017]
103	YP_001154759.1	접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에르시니아 페스티스 페스토이테스 F] >gb ABP42462.1 접합 전달 oriT 니킹-연와인딩 단백질 [에르시니아 페스티스 페스토이테스 F]
104	YP_093987.1	접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에르시니아 페스티스] >emb CAG27514.1 TraI 단백질 [에르시니아 페스티스]
105	EGB74535.1	접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 57-2]
106	EGX15096.1	단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 TX1999]
107	ZP_07778521.1	traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75] >gb EFR18955.1 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75]
108	EGB44795.1	DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 H252]
109	ZP_07192950.1	추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 196-1] >gb EF185456.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 196-1]
110	ZP_07692602.1	추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7] >gb EFO55447.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7]
111	ZP_07212721.1	추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1] >gb EFK65846.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1] >gb EFU32883.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 85-1]
112	ZP_07122964.1	추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1] >gb EFJ86486.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1]
113	ZP_06641688.1	접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 오도리페라 DSM 4582] >gb EFE93292.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 오도리페라 DSM 4582]
114	ZP_07213112.1	추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1] >gb EFK65486.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1] >gb EFU32564.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 85-1]
115	ZP_07125330.1	추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1] >gb EFJ84116.1 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1]
116	AAA98086.1	헬리카제 I [플라스미드 F] >gb AAC44187.1 TraI* [에스케리키아 콜라이]
117	ZP_07692570.1	DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7] >gb EFO55472.1 DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7]

- 118 [EGB44794.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [에스케리키아 콜라이 H252]
- 119 [CBA76609.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 [아르세노포누스 나소니아에]
- 120 [YP_004831100.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 마르세스센스]
>gb|AEM89415.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 마르세스센스]
- 121 [AEI60155.1](#) 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 UMN18]
- 122 [EGX24402.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TX1999]
- 123 [AAM90727.1](#) TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피]
- 124 [ZP_08374850.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TA280] >gb|EGI40125.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TA280]
- 125 [CBY99022.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 웰테브레텐 균주 2007-60-3289-1]
- 126 [ZP_02347591.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 세인트폴 균주 SARA29] >gb|EDZ09644.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 세인트폴 균주 SARA29]
- 127 [YP_001144265.1](#) TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449] >gb|ABO92517.1| TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449]
- 128 [YP_001144345.1](#) TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449] >gb|ABO92597.1| TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449]
- 129 [YP_003717559.1](#) 추정 TraI DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 ETEC 1392/75] >emb|CBL93299.1| 추정 TraI DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 ETEC 1392/75]
- 130 [ZP_08351623.1](#) 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 M605] >gb|EGI12750.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 M605]
- 131 [ZP_06658914.1](#) 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B185] >gb|EFF04614.1| 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B185]
- 132 [YP_002291232.1](#) TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 SE11] >dbj|BAG80410.1|

- TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 SE11]
- 133 [EFZ47384.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 134 [EGX19478.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 STEC_S1191]
- 135 [YP_002527579.1](#) 가설 단백질 pO103_123 [에스케리키아 콜라이] >gb|ACJ63608.1| 보존된 가설 단백질 [에스케리키아 콜라이]
- 136 [EGX15095.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 TX1999]
- 137 [EFZ47387.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 138 [ZP_06193648.1](#) 단백질 TraI [세라티아 오도리페라 4Rx13] >gb|EFA13747.1| 단백질 TraI [세라티아 오도리페라 4Rx13]
- 139 [EGB39999.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [에스케리키아 콜라이 H120]
- 140 [YP_003739388.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 [에르위니아 빌링기아에 Eb661] >emb|CAX53670.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 [에르위니아 빌링기아에 Eb661]
- 141 [YP_002539341.1](#) TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|ACM18376.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 142 [BAA31818.1](#) 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 사카이]
- 143 [ADA76995.1](#) OriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2002017] >gb|EGJ92352.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라 플렉스네리 K-671] >gb|EGK29102.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라 플렉스네리 K-218] >gb|EGK30383.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라 플렉스네리 K-218]
- 144 [EFZ45075.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 145 [ZP_05940744.1](#) 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 FRIK2000] >ref|ZP_05949378.1| 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 FRIK966]
- 146 [NP_858381.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301] >gb|AAL72528.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301]
- 147 [YP_325658.1](#) DNA 헬리카제 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 EDL933] >ref|ZP_03085731.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4024] >ref|ZP_03253092.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4206] >ref|ZP_03258416.1| 단백질 TraI

- [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4045]
 >ref|ZP_03263676.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4042] >ref|YP_002268456.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4115]
 >ref|ZP_03445961.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 TW14588] >ref|YP_003082207.1| DNA
 헬리카제 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 TW14359]
 >gb|AAC70166.1| DNA 헬리카제 [에스케리키아 콜라이
 O157:H7] >gb|EDZ79179.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4206] >gb|EDZ79263.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4045]
 >gb|EDZ84639.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC4042] >gb|ACI34506.1| 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 O157:H7 균주 EC4115] >gb|EEC25550.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 TW14588]
 >gb|ACT75233.1| DNA 헬리카제 [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 TW14359]
- 148 [EFZ04572.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
 콜레라에수이스 균주 SCSA50]
- 149 [YP_209287.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
 콜레라에수이스 균주 SC-B67] >gb|AAS58906.1| TraI 단백질
 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스
 균주 SC-B67]
- 150 [YP_001598090.1](#) 가설 단백질 pOU7519_37 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카
 혈청형 콜레라에수이스] >gb|ABX56758.1| TraI [살모넬라
 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]
- 151 [EGY27955.1](#) DNA 헬리카제 [칸디다투스 레기엘라 인섹티콜라 R5.15]
- 152 [ZP_02775703.2](#) 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4113]
 >ref|ZP_02808113.2| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4076] >gb|EDU53238.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4113]
 >gb|EDU68518.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC4076]
- 153 [ZP_02802536.2](#) 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4196] >ref|ZP_02783766.2| 단백질 TraI

- [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4401]
 >ref|ZP_02794287.2| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4486] >ref|ZP_02788057.2| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4501]
 >ref|ZP_02815172.2| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC869] >ref|ZP_02826253.2| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC508]
 >gb|EDU31089.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I)
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4196]
 >gb|EDU72890.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC4401] >gb|EDU80130.1| 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 O157:H7 균주 EC4486] >gb|EDU85126.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4501]
 >gb|EDU88744.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC869] >gb|EDU94999.1| 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 O157:H7 균주 EC508] >gb|EFW63329.1| IncF
 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC1212]
 >gb|EGD61029.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주
 1125] >gb|EGD71407.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-
 니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 1044]
- 154 ZP_07779988.1 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75]
 >gb|EFR17488.1| traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이
 2362-75]
- 155 ZP_08386421.1 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 H299]
 >gb|EGI48018.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I)
 [에스케리키아 콜라이 H299]
- 156 1P4D_A 쇠 A, F 인자 Trai 릴렉사제 도메인 >pdb|1P4D|B 쇠 B, F
 인자 Trai 릴렉사제 도메인 >pdb|1P4D|C 쇠 C, F 인자 Trai
 릴렉사제 도메인
- 157 2A0I_A 쇠 A, F Orit 단일-가닥 Dna 에 결합된 F 인자 Trai 릴렉사제
 도메인
- 158 EFZ47389.1 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]

- | | | |
|-----|--------------------------------|---|
| 159 | YP_004118615.1 | 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아 중 At-9b]
>gb ADU72059.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아 중 At-9b] |
| 160 | YP_004119632.1 | 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아 중 At-9b]
>gb ADU73076.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아 중 At-9b] |
| 161 | EGW99739.1 | 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 G58-1] |
| 162 | YP_004821631.1 | 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [엔테로박터 아스부리아에 LF7a]>gb AEN67255.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [엔테로박터 아스부리아에 LF7a] |
| 163 | YP_001165588.1 | 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [엔테로박터 중 638]
>gb ABP62914.1 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [엔테로박터 중 638] |
| 164 | YP_003602677.1 | 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [엔테로박터 클로아카에 아종 클로아카에 ATCC 13047]>gb ADF64869.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [엔테로박터 클로아카에 아종 클로아카에 ATCC 13047] |
| 165 | YP_311531.1 | 가설 단백질 SSON_2674 [시켈라 손네이 Ss046]
>gb AAZ89296.1 가설 단백질 SSON_2674 [시켈라 손네이 Ss046] |
| 166 | NP_073254.1 | 가설 단백질 pKDSC50_p30 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]>dbj BAB20537.1 orf30 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스] |
| 167 | 2Q7T_A | 쇄 A, 잘리기 쉬운 티미딘 염기를 갖는 F 플라스미드 Trai 릴렉사제 도메인의 결정 구조 >pdb 2Q7T B 쇄 B, 잘리기 쉬운 티미딘 염기를 갖는 F 플라스미드 Trai 릴렉사제 도메인의 결정 구조 >pdb 2Q7U A 쇄 A, 잘리기 쉬운 티미딘 염기 및 이미도디포스페이트를 갖는 F 플라스미드 Trai 릴렉사제 도메인의 결정 구조 >pdb 2Q7U B 쇄 B, 잘리기 쉬운 티미딘 염기 및 이미도디포스페이트를 갖는 F 플라스미드 Trai 릴렉사제 도메인의 결정 구조 |
| 168 | EGB84260.1 | 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 60-1] |
| 169 | ZP_07119794.1 | 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 198-1]>gb EFJ70739.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 |

- [에스케리키아 콜라이 MS 198-1]
- 170 [EGB74274.1](#) 집합 킬렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 57-2]
- 171 [ZP_04533197.1](#) 헬리카제 I [에스케리키아 종 3_2_53FAA] >gb|EEH89372.1|
헬리카제 I [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
- 172 [EFU49424.1](#) 집합 킬렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 153-1]
- 173 [EFZ60914.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 LT-68]
- 174 [CBK86956.1](#) 집합 킬렉사제 도메인, TrwC/TraI 패밀리 [엔테로박터 클로아카에 아종 클로아카에 NCTC 9394]
- 175 [YP_313450.1](#) oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편 [시겔라 손네이 Ss046]
>gb|AAZ91215.1|oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편
[시겔라 손네이 Ss046]
- 176 [EGP22056.1](#) 가설 단백질 PPECC33_45560 [에스케리키아 콜라이 PCN033]

- 177 [ZP_04533202.1](#) TraI 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA] >gb|EEH89366.1|
TraI 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
- 178 [ZP_07248320.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 146-1]
>gb|EFK88152.1| DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
MS 146-1]
- 179 [EFZ45103.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 180 [YP_003502675.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛
- 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [에스케리키아 콜라이
O55:H7 균주 CB9615] >gb|ADD59691.1| ATP-의존성
엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제
슈퍼패밀리 I 구성원 [에스케리키아 콜라이 O55:H7 균주
CB9615]
- 181 [ZP_04533172.1](#) 추정 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA] >gb|EEH89397.1|
추정 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
- 182 [YP_406124.1](#) 추정 DNA 헬리카제 I, 단편 [시켈라 디센테리아에 Sd197]
>gb|ABB64636.1| 추정 DNA 헬리카제 I, 단편 [시켈라
디센테리아에 Sd197]
- 183 [ZP_04533171.1](#) 보존된 가설 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
>gb|EEH89398.1| 보존된 가설 단백질 [에스케리키아 종
3_2_53FAA]
- 184 [ZP_07192951.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 196-1]
>gb|EFI85454.1| DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
MS 196-1]
- 185 [YP_001853797.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 타페티스]
>gb|ACB99627.1| 텔렉사제 TraI [비브리오 타페티스]
- 186 [YP_002261511.1](#) 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [알리이비브리오 살모니시다
LFI1238] >emb|CAQ81880.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I)
[알리이비브리오 살모니시다 LFI1238]
- 187 [NP_762615.1](#) 접합 전달 텔렉사제 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스
CMCP6] >gb|AAO07605.1| 접합 전달 텔렉사제 단백질 TraI
[비브리오 불니피쿠스 CMCP6]
- 188 [YP_001393155.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스]
>emb|CAL25489.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오
불니피쿠스]
- 189 [EGB74536.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 57-2]

- 190 [NP_932226.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스 YJ016]
>dbj|BAC97749.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스 YJ016]
- 191 [YP_001557030.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
>gb|ABX51770.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
- 192 [ADT96679.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS678]
- 193 [YP_001911094.1](#) TraI 단백질 [에르위니아 타스마니엔시스 Et1/99]
>emb|CAO94972.1| TraI 단백질 [에르위니아 타스마니엔시스 Et1/99]
- 194 [YP_002360275.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
>gb|ACK48852.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
- 195 [AEG13610.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 BA175]
- 196 [EFZ04571.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스 균주 SCSA50]
- 197 [ZP_01813760.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3] >gb|EDK28851.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3]
- 198 [YP_002360333.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
>gb|ACK48971.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
- 199 [YP_001557007.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
>gb|ABX51747.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
- 200 [YP_002364244.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
>gb|ACK48877.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
- 201 [YP_209286.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스 균주 SC-B67] >ref|YP_001598089.1| 가설 단백질 pOU7519_36 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스] >gb|AAS58905.1| TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스 균주 SC-B67] >gb|ABX56757.1| TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]

- 202 YP_015476.1 DNA 헬리카제 TraI [포토박테리움 프로폰둠 SS9]
 >emb|CAG17960.1| 추정 DNA 헬리카제 (TraI) [포토박테리움
 프로폰둠 SS9]
- 203 YP_001355447.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 말티카 OS185]
 >gb|ABS10539.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라
 말티카 OS185]
- 204 EHC04201.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 말티카 OS625]
- 205 ZP_06188936.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [레지오넬라 롱베아카에 D-
 4968] >gb|EEZ93459.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [레지오넬라 롱베아카에 D-4968]
- 206 ZP_06157867.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에 CIP 102761]
 >gb|EEZ39122.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에
 CIP 102761]
- 207 ZP_06157920.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에 CIP 102761]
 >gb|EEZ39063.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에
 CIP 102761]
- 208 ZP_08351743.1 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 M605]
 >gb|EGI12643.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아
 콜라이 M605]
- 209 ZP_08738328.1 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 투비아쉬이 ATCC
 19109] >gb|EGU55339.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI
 [비브리오 투비아쉬이 ATCC 19109]
- 210 YP_003993727.1 incf 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 trai [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에]
 >emb|CBX86814.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에]
- 211 ZP_06157811.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에 CIP 102761]
 >gb|EEZ39249.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에
 CIP 102761]

- 212 [YP_003915110.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [레이오넬라 롱베아카에 NSW150] >emb|CBJ13946.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [레이오넬라 롱베아카에 NSW150]
- 213 [YP_122194.1](#) 가설 단백질 plpp0039 [레이오넬라 뉴모필라 균주 파리] >emb|CAH17216.1| 가설 단백질 plpp0039 [레이오넬라 뉴모필라 균주 파리]
- 214 [ZP_07197892.1](#) 접합 텔렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 185-1] >gb|EFJ53671.1| 접합 텔렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 185-1]
- 215 [ZP_05884791.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 코랄리일리티쿠스 ATCC BAA-450] >gb|EEX34480.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 코랄리일리티쿠스 ATCC BAA-450]
- 216 [ZP_07222592.1](#) 유형-F 접합 전달 시스템 필린 아세틸라제 TraX [에스케리키아 콜라이 MS 78-1] >gb|EFK71814.1| 유형-F 접합 전달 시스템 필린 아세틸라제 TraX [에스케리키아 콜라이 MS 78-1]
- 217 [3FLD_A](#) 쇠 A, Trai C-말단 도메인의 결정 구조 >pdb|3FLD|B 쇠 B, Trai C-말단 도메인의 결정 구조
- 218 [EGT71207.1](#) 가설 단백질 C22711_5243 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 219 [ZP_05440093.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 종 4_1_40B]
- 220 [EGX24451.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 TX1999]
- 221 [EFZ55098.1](#) traI 도메인 단백질 [시겔라 손네이 53G]
- 222 [YP_003933505.1](#) DNA 메틸라제 [판토에아 베간스 C9-1] >gb|ADO08159.1| 추정 DNA 메틸라제 [판토에아 베간스 C9-1]
- 223 [AAA83930.1](#) traI [플라스미드 F]
- 224 [ADQ53972.1](#) 추정 접합 전달 단백질 [비브리오 하르베이]
- 225 [ZP_07778522.1](#) traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75] >gb|EFR18956.1| traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75]
- 226 [ZP_07192561.1](#) 보존된 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 196-1] >gb|EFI85846.1| 보존된 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 196-1]
- 227 [AAW64824.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리] >gb|EGK29113.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라

- 플렉스네리 K-218] >gb|EGK30381.1| 단백질 traI 도메인
단백질 [시겔라 플렉스네리 K-218]
- 228 [NP_085414.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a
균주 M90T] >ref|NP_858380.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질
[시겔라 플렉스네리 2a 균주 301]
>gb|AAK18570.1|AF348706_259 oriT 니킹 및 언와인딩
단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a 균주 M90T]
>gb|AAL72527.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라
플렉스네리 2a 균주 301]
- 229 [ADA76994.1](#) OriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2002017]
>gb|EGJ92353.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라
플렉스네리 K-671]
- 230 [ZP_07197891.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 185-
1] >gb|EFJ53674.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[에스케리키아 콜라이 MS 185-1]
- 231 [EFU44520.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 110-
3]
- 232 [ZP_07222591.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 78-1]
>gb|EFK71830.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아
콜라이 MS 78-1]
- 233 [YP_406349.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 보이디이
Sb227] >gb|ABB68997.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편
[시겔라 보이디이 Sb227]
- 234 [YP_406122.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 디센테리아에
Sd197] >gb|ABB64634.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편
[시겔라 디센테리아에 Sd197]
- 235 [EFW49145.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [시겔라 디센테리아에 CDC
74-1112]

- 236 [ZP_07246817.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 146-1] >gb|EFK89648.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 146-1]
- 237 [YP_004250852.1](#) 추정 단백질 traI (DNA 헬리카제 I) [비브리오 니그리폴키리투도] >emb|CBJ93141.1| 추정 단백질 traI (DNA 헬리카제 I) [비브리오 니그리폴키리투도]
- 238 [EFZ60915.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 LT-68]
- 239 [YP_617529.1](#) TrwC 단백질 [스핑크펙시스 알라스켄시스 RB2256] >gb|ABF54196.1| TrwC 단백질 [스핑크펙시스 알라스켄시스 RB2256]
- 240 [ZP_01813650.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3] >gb|EDK28925.1| ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3]
- 241 [ZP_01813651.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3] >gb|EDK28926.1| ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3]
- 242 [NP_052850.1](#) 가설 단백질 QpDV_p09 [콕시엘라 부르네티이] >gb|AAD33482.1|AF131076_8 가설 단백질 [콕시엘라 부르네티이] >emb|CAA59942.1|orf 611 [콕시엘라 부르네티이]
- 243 [CAA75825.1](#) 가설 단백질 [콕시엘라 부르네티이]
- 244 [YP_002302593.1](#) DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 CbuK_Q154] >gb|ACJ21266.1| DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 CbuK_Q154]
- 245 [YP_003502676.1](#) TraI [에스케리키아 콜라이 O55:H7 균주 CB9615] >gb|ADD59692.1| TraI [에스케리키아 콜라이 O55:H7 균주 CB9615]
- 246 [YP_001649308.1](#) 추정 단백질 traI [콕시엘라 부르네티이 'MSU 염소 Q177'] >gb|EAX32547.2| 추정 단백질 traI [콕시엘라 부르네티이 'MSU 염소 Q177']
- 247 [YP_001423428.2](#) DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 더그웨이 5J108-111] >gb|ABS78549.2| DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 더그웨이 5J108-111]
- 248 [YP_001595803.1](#) 추정 단백질 traI [콕시엘라 부르네티이 RSA 331] >gb|ABX77172.1| 추정 단백질 traI [콕시엘라 부르네티이 RSA 331]

- 249 [NP_052342.1](#) 가설 단백질 QpHI_p10 [콕시엘라 부르네티이]
>emb|CAA53112.1| 명칭이 정해지지 않은 단백질 생성물
[콕시엘라 부르네티이]
- 250 [ZP_01863208.1](#) 가설 단백질 ED21_17597 [에리트로박터 종 SD-21]
>gb|EDL49436.1| 가설 단백질 ED21_17597 [에리트로박터 종
SD-21]
- 251 [ZP_08645753.1](#) 접합 전달 단백질 TraA [아세트박터 트로피칼리스 NBRC
101654] >dbj|GAA09057.1| 접합 전달 단백질 TraA
[아세트박터 트로피칼리스 NBRC 101654]
- 252 [YP_497456.1](#) TrwC 단백질 [노보스펑고비움 아로마티시보란스 DSM 12444]
>gb|ABD26622.1| TrwC 단백질 [노보스펑고비움
아로마티시보란스 DSM 12444]
- 253 [AAL78346.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 254 [EFW60435.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [시켈라 플렉스네리 CDC 796-
83]
- 255 [YP_001235537.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
>gb|ABQ31618.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질
[아시디필리움 크립툼 JF-5]
- 256 [ZP_05038212.1](#) 가설 단백질 S7335_4654 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
>gb|EDX86947.1| 가설 단백질 S7335_4654 [시네코코쿠스 종
PCC 7335]
- 257 [ZP_08897263.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [글루콘아세트박터
오보에디엔스 174Bp2]
- 258 [NP_049139.1](#) DNA 헬리카제 [노보스펑고비움 아로마티시보란스]
>ref|YP_001165751.1| 가설 단백질 Saro_3983 [노보스펑고비움
아로마티시보란스 DSM 12444] >gb|AAD03935.1| DNA
헬리카제 [노보스펑고비움 아로마티시보란스] >gb|ABP64225.1|
가설 단백질 Saro_3983 [노보스펑고비움 아로마티시보란스
DSM 12444]
- 259 [YP_004390567.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [알리시클리필루스
테니트리피칸스 K601] >gb|AEB87051.1| 접합 릴렉사제 도메인
단백질 [알리시클리필루스 테니트리피칸스 K601]
- 260 [ZP_07678069.1](#) TrwC 단백질 [랄스토니아 종 5_7_47FAA]
>ref|ZP_08896172.1| 가설 단백질 HMPREF0989_04418

- [랄스토니아 종 5_2_56FAA]>gb|EFP63590.1| TrwC 단백질
[랄스토니아 종 5_7_47FAA]>gb|EGY61032.1| 가설 단백질
HMPREF0989_04418 [랄스토니아 종 5_2_56FAA]
- 261 YP_974028.1 TrwC 단백질 [아시도보락스 종 JS42]>gb|ABM44293.1| TrwC
단백질 [아시도보락스 종 JS42]
- 262 YP_001869867.1 고정화 단백질 TraI-유사 단백질 [노스톡 폰크티포르메 PCC
73102]>gb|ACC85356.1| 고정화 단백질 TraI-유사 단백질
[노스톡 폰크티포르메 PCC 73102]
- 263 YP_718086.1 DNA 헬리카제 [스핑고모나스 종 KA1]>dbj|BAF03374.1|
DNA 헬리카제 [스핑고모나스 종 KA1]
- 264 YP_004534199.1 TrwC 단백질 [노보스핑고비움 종 PP1Y]>emb|CCA92381.1|
TrwC 단백질 [노보스핑고비움 종 PP1Y]
- 265 ZP_08701842.1 TrwC 단백질 [시트로미크로비움 종 JLT1363]
- 266 YP_003602886.1 가설 단백질 ECL_B116 [엔테로박터 클로아카에 아종
클로아카에 ATCC 13047]>gb|ADF65078.1| 가설 단백질
ECL_B116 [엔테로박터 클로아카에 아종 클로아카에 ATCC
13047]
- 267 ZP_06861556.1 TrwC 단백질 [시트로미크로비움 페티오마리눔 JL354]
- 268 NP_542915.1 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸티다]>emb|CAC86855.1|
추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸티다]
- 269 YP_457045.1 TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594]
>gb|ABC62248.1| TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스
HTCC2594]
- 270 YP_122325.1 가설 단백질 plpl0032 [레지오넬라 뉴모필라 균주 렌즈]
>emb|CAH17351.1| 가설 단백질 plpl0032 [레지오넬라
뉴모필라 균주 렌즈]
- 271 YP_004030608.1 DNA 헬리카제 I TraI [부르크홀데리아 리족시니카 HKI 454]
>emb|CBW77286.1| TraI 단백질 (DNA 헬리카제 I) (EC 3.6.1.-
) [부르크홀데리아 리족시니카 HKI 454]
- 272 YP_457732.1 TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594]
>gb|ABC62935.1| TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스
HTCC2594]
- 273 ZP_01039301.1 TrwC 단백질 [에리트로박터 종 NAP1]>gb|EAQ29772.1|
TrwC 단백질 [에리트로박터 종 NAP1]
- 274 YP_737083.1 TrwC 단백질 [쉐와넬라 종 MR-7]>gb|ABI42026.1| TrwC

- 단백질 [쉐와넬라 종 MR-7]
- 275 ZP_05040239.1 가설 단백질 S7335_1207 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
>gb|EDX82503.1| 가설 단백질 S7335_1207 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
- 276 AAP57243.1 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸티다]
- 277 NP_942625.1 TrwC [크산토모나스 시트리]>ref|ZP_06705283.1| TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 11122]>gb|AAO72099.1| TrwC [크산토모나스 시트리]
>gb|EFF43152.1| TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 11122]
- 278 1OMH_A 쉘 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 접합 릴렉사제 Trwc. 금속-무함유 구조 >pdb|1QX0|A 쉘 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 접합 릴렉사제 Trwc. 금속-결합 구조 >pdb|1S6M|A 쉘 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 접합 릴렉사제 Trwc. 금속-결합 구조 >pdb|1ZM5|A 쉘 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 접합 릴렉사제 Trwc, 쿠퍼-결합 구조
- 279 ZP_06485934.1 TrwC 단백질 [크산토모나스 캄페스트리스 pv. 바스칼로룸 NCPPB702]
- 280 1OSB_A 쉘 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 접합 릴렉사제 Trwc. 금속-무함유 구조 >pdb|1OSB|C 쉘 C, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 접합 릴렉사제 Trwc. 금속-무함유 구조.
- 281 ZP_08207479.1 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM 19370]>gb|EGD60431.1| 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM 19370]
- 282 2CDM_A 쉘 A, 인식 헤어핀 및 절단 부위를 포함하는 27량체 Dna 와 복합체화된 Trwc 의 구조 >pdb|2CDM|C 쉘 C, 인식 헤어핀 및 절단 부위를 포함하는 27량체 Dna 와 복합체화된 Trwc 의 구조
- 283 ZP_01731779.1 가설 단백질 CY0110_01035 [시아노테세 종 CCY0110]
>gb|EAZ88794.1| 가설 단백질 CY0110_01035 [시아노테세 종 CCY0110]
- 284 NP_644759.1 TrwC 단백질 [크산토모나스 악소노포디스 pv. 시트리 균주 306]>gb|AAM39277.1| TrwC 단백질 [크산토모나스

- 285 [ZP_06732867.1](#) 약소노포디스 pv. 시트리 균주 306] TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535] >gb|EFF46014.1| TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535]
- 286 [YP_361538.1](#) 추정 TraI 단백질 [크산토모나스 캄페스트리스 pv. 베시카토리아 균주 85-10] >emb|CAJ19791.1| 추정 TraI 단백질 [크산토모나스 캄페스트리스 pv. 베시카토리아 균주 85-10]
- 287 [CBJ36129.1](#) 추정 traC, 유형 IV 분비 시스템 [랄스토니아 솔라나세아룸 CMR15]
- 288 [YP_001260099.1](#) 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1] >gb|ABQ71332.1| 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1]
- 289 [YP_001451611.1](#) 추정 유형 IV 접합 전달 시스템 커플링 단백질 TraD [에스케리키아 콜라이 E24377A] >gb|ABV16432.1| 추정 유형 IV 접합 전달 시스템 커플링 단백질 TraD [에스케리키아 콜라이 E24377A]
- 290 [ZP_08208941.1](#) 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑크비움 니트로게니피겐스 DSM 19370] >gb|EGD59319.1| 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑크비움 니트로게니피겐스 DSM 19370]
- 291 [AAO84912.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 292 [YP_002515847.1](#) DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 TrwC [카울로박터 크레센투스 NA1000] >gb|ACL93939.1| DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 trwC [카울로박터 크레센투스 NA1000]
- 293 [YP_001260037.1](#) 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1] >gb|ABQ71270.1| 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1]
- 294 [ZP_04629294.1](#) 가설 단백질 yberc0001_36240 [에르시니아 베르코비에리 ATCC 43970] >gb|EEQ05839.1| 가설 단백질 yberc0001_36240 [에르시니아 베르코비에리 ATCC 43970]

- 295 [CAZ15897.1](#) 개연적 접합 전달 단백질 [크산토모나스 알빌리네안스]
- 296 [YP_315578.1](#) TrwC 단백질 [티오바실루스 테니트리피칸스 ATCC 25259]
>gb|AAZ97773.1| TrwC 단백질 [티오바실루스
테니트리피칸스 ATCC 25259]
- 297 [ZP_01770026.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 슈도말레이 305]
>ref|ZP_03456236.1| TrwC 텔렉사제 패밀리
[부르크홀데리아 슈도말레이 576] >gb|EBA45613.1| TrwC
단백질 [부르크홀데리아 슈도말레이 305] >gb|EEC32220.1|
TrwC 텔렉사제 패밀리 [부르크홀데리아 슈도말레이 576]
- 298 [YP_001869963.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [노스톡 폰크티포르메
PCC 73102] >gb|ACC84922.1| ATP-의존성 엑소 DNase
(엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리
I 구성원-유사 단백질 [노스톡 폰크티포르메 PCC 73102]
- 299 [ZP_08210392.1](#) TrwC 단백질 [노보스펙고비움 니트로게니피겐스 DSM
19370] >gb|EGD57551.1| TrwC 단백질 [노보스펙고비움
니트로게니피겐스 DSM 19370]
- 300 [YP_001692976.1](#) 고정화 단백질 TraI [에르시니아 엔테로콜리티카]
>emb|CAP20128.1| 고정화 단백질 TraI [에르시니아
엔테로콜리티카]
- 301 [YP_003455306.1](#) 접합 전달 단백질 TraI [레지오넬라 롱베아카에 NSW150]
>emb|CBJ12209.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [레지오넬라
롱베아카에 NSW150]
- 302 [YP_745335.1](#) traI 단백질 (DNA 헬리카제 I) [그레놀리박터 베테스텐시스
CGDNIH1] >gb|ABI62412.1| traI 단백질 (DNA 헬리카제 I)
[그레놀리박터 베테스텐시스 CGDNIH1]
- 303 [YP_001911166.1](#) TrwC [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린]
>gb|ABS71078.1| TrwC [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카
혈청형 더블린]
- 304 [YP_001874877.1](#) 이동 단백질 [프로비덴시아 레트게리] >emb|CAQ48354.1|
이동 단백질 [프로비덴시아 레트게리]
- 305 [YP_001552064.1](#) trwC 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
더블린] >dbj|BAF93147.1| trwC 단백질 [살모넬라 엔테리카
아종 엔테리카 혈청형 더블린]
- 306 [CAA44853.2](#) TrwC [에스케리키아 콜라이 K-12]
- 307 [YP_096090.1](#) 가설 단백질 lpg2077 [레지오넬라 뉴모필라 아종 뉴모필라]

- 308 [YP_534815.1](#) 균주 필라텔피아 1] >gb|AAU28143.1| TraI [레지오넬라 뉴모필라 아종 뉴모필라 균주 필라텔피아 1]
추정 플라스미드 전달 단백질 TraC [슈도모나스 푸터다
>dbj|BAE92149.1| 추정 플라스미드 전달 단백질 TraC
[슈도모나스 푸터다]
- 309 [FAA00039.1](#) TPA: TrwC 단백질 [에스케리키아 콜라이]
- 310 [NP_863125.1](#) 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸터다]
>ref|YP_002887474.1| 추정 TraC 단백질 [슈도모나스
플루오레센스] >gb|AAO64324.1| 추정 TraC 단백질
[슈도모나스 푸터다] >gb|ACQ63541.1| 추정 TraC 단백질
[슈도모나스 플루오레센스]
- 311 [ZP_04868849.1](#) 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종
아우레우스 TCH130] >gb|EES96070.1| 보존된 가설 단백질
[스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스 TCH130]
- 312 [ZP_01304707.1](#) TrwC 단백질 [스핑크모나스 종 SKA58] >gb|EAT07464.1|
TrwC 단백질 [스핑크모나스 종 SKA58]
- 313 [ZP_05040124.1](#) TrwC 릴렉사제 패밀리 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
>gb|EDX82788.1| TrwC 릴렉사제 패밀리 [시네코코쿠스 종
PCC 7335]
- 314 [YP_001798665.1](#) 추정 TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142]
>ref|ZP_08976129.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[시아노테세 종 ATCC 51472] >gb|ACB54611.1| 추정
TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142]
>gb|EHC20600.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[시아노테세 종 ATCC 51472]
- 315 [YP_002235496.1](#) 추정 접합 전달 단백질 [부르크홀데리아 세노세파시아
J2315] >emb|CAR57767.1| 추정 접합 전달 단백질
[부르크홀데리아 세노세파시아 J2315]
- 316 [CAZ15872.1](#) 개연적 고정화 단백질 trai [크산토모나스 알빌리네안스]
- 317 [YP_840564.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 세노세파시아 HI2424]
>gb|ABK13671.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아
세노세파시아 HI2424]
- 318 [ZP_08207332.1](#) TrwC 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM
19370] >gb|EGD60647.1| TrwC 단백질 [노보스핑고비움
니트로게니피겐스 DSM 19370]

- 319 YP_001966297.1 TraI [슈도모나스 종 CT14] >gb|ABA25997.1| TraI
[슈도모나스 종 CT14]
- 320 3L6T_A 쇠 A, 플라스미드 PcuI Trai 릴렉사제 도메인의 N-말단
돌연변이체의 결정 구조 >pdb|3L6T|B 쇠 B, 플라스미드
PcuI Trai 릴렉사제 도메인의 N-말단 돌연변이체의 결정
구조
- 321 YP_001736290.1 DNA 헬리카제, TrwC 및 TraI 유사 단백질 [시네토코쿠스
종 PCC 7002] >gb|ACB01034.1| DNA 헬리카제, TrwC 및
TraI 유사 단백질 [시네토코쿠스 종 PCC 7002]
- 322 3L57_A 쇠 A, 플라스미드 PcuI Trai 릴렉사제 도메인의 결정 구조
>pdb|3L57|B 쇠 B, 플라스미드 PcuI Trai 릴렉사제
도메인의 결정 구조
- 323 ZP_04532999.1 F 필린 아세틸화 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
>gb|EEH89558.1| F 필린 아세틸화 단백질 [에스케리키아
종 3_2_53FAA] >gb|AEQ15924.1| 가설 단백질 CE10_A57
[에스케리키아 콜라이 O7:K1 균주 CE10]
- 324 CAA40677.1 DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 325 NP_478459.1 가설 단백질 alr8034 [노스톡 종 PCC 7120]
>dbj|BAB77364.1| alr8034 [노스톡 종 PCC 7120]
- 326 YP_001893556.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [부르크홀데리아
피토피르만스 PsJN] >gb|ACD21627.1| 접합 릴렉사제
도메인 단백질 [부르크홀데리아 피토피르만스 PsJN]
- 327 YP_001033863.1 가설 단백질 RSP_3904 [로도박터 스파에로이테스 2.4.1]
>gb|ABA81758.1| TraI [로도박터 스파에로이테스 2.4.1]
- 328 ZP_06064648.1 TrwC 단백질 [아시네토박터 존소나이 SH046]
>gb|EEY94851.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 존소나이
SH046]
- 329 YP_003829308.1 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb|ADL14202.1|
TraI [에스케리키아 콜라이]
- 330 YP_002332893.1 접합 전달 단백질 [클레브시엘라 뉴모니아에]
>ref|YP_004558187.1| 접합 전달 니카제 및 헬리카제
[에스케리키아 콜라이] >gb|ABY74412.1| 접합 전달 단백질
[클레브시엘라 뉴모니아에] >emb|CCA62519.1| 접합 전달
니카제 및 헬리카제 [에스케리키아 콜라이]
- 331 YP_002286896.1 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ACI63157.1| TraI

- [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 332 YP_003813077.1 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADG84846.1| TraI
[클레브시엘라 뉴모니아에]
- 333 YP_002286953.1 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >ref|YP_003675776.1| TraI
[클레브시엘라 옥시토카 KOX105] >gb|ACI63011.1| TraI
[클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADH29543.1| TraI
[클레브시엘라 옥시토카 KOX105]
- 334 YP_001096334.1 가설 단백질 pLEW517_p09 [에스케리키아 콜라이]
>ref|YP_001551814.1| TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종
엔테리카 혈청형 더블린] >ref|YP_003717510.1| TraI
[에스케리키아 콜라이 O25b:H4-ST131 균주 EC958]
>gb|ABG49173.1| 가설 단백질 [에스케리키아 콜라이]
>dbj|BAF93119.1| TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종
엔테리카 혈청형 더블린] >gb|ADH29995.1| TraI
[에스케리키아 콜라이 O25b:H4-ST131 균주 EC958]
- 335 YP_724504.1 가설 단백질 pMUR050_047 [에스케리키아 콜라이]
>gb|AAD27542.1|AF109305_3 고정화 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이] >gb|ABG33823.1| TraI [에스케리키아
콜라이]
- 336 NP_511201.1 가설 단백질 R46_023 [IncN 플라스미드 R46]
>gb|AAB97287.1| TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카
혈청형 티피뮤리움] >gb|AAL13397.1| TraI [IncN 플라스미드
R46]
- 337 ADH30046.1 집합 전달 단백질 [에스케리키아 콜라이 O25b:H4-ST131
균주 EC958]
- 338 YP_002913254.1 TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1]
>gb|ACR32934.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에
BGR1]
- 339 YP_004362462.1 TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글라디올리 BSR3]
>gb|AEA65432.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아
글라디올리 BSR3]
- 340 ZP_02468056.1 TrwC 단백질 [부르크홀데리아 타일란텐시스 MSMB43]
- 341 YP_001840913.1 TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 ACICU]
>gb|ACC59035.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이
ACICU]

- 342 ZP_07239267.1 TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 AB059]
- 343 YP_003853339.1 TrwC 단백질 [파르불라르쿨라 베르무텐시스 HTCC2503]
>gb|ADM08198.1| TrwC 단백질 [파르불라르쿨라 베르무텐시스 HTCC2503]
- 344 ZP_07237891.1 TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 AB058]
>gb|EGT92899.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 ABNIH3]
- 345 YP_002491522.1 집합 펩티다제 도메인-함유 단백질 [아나에로미소박터 데할로게난스 2CP-1] >gb|ACL64456.1| 집합 펩티다제 도메인 단백질 [아나에로미소박터 데할로게난스 2CP-1]
- 346 YP_002907678.1 TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1]
>gb|ACR32827.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1]
- 347 YP_004350971.1 TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글라디올리 BSR3]
>gb|AEA65648.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글라디올리 BSR3]
- 348 ZP_02834825.2 단백질 TraD [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 웰테브레텐 균주 HI_N05-537] >gb|EDZ27609.1| 단백질 TraD [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 웰테브레텐 균주 HI_N05-537]
- 349 ADX05370.1 TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 1656-2]
>gb|ADX94381.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 TCDC-AB0715] >gb|EGK45622.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 AB210]
- 350 YP_003552078.1 TrwC 단백질 [칸디다투스 푸니세이스피릴룸 마리눔 IMCC1322] >gb|ADE39994.1| TrwC 단백질 [칸디다투스 푸니세이스피릴룸 마리눔 IMCC1322]
- 351 EGB59894.1 traI 단백질 [에스케리키아 콜라이 M863]
- 352 YP_001522461.1 가설 단백질 AM1_F0157 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW33028.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 353 ZP_05738733.1 단백질 TraI [실리시박터 중 TrichCH4B] >gb|EEW61008.1| 단백질 TraI [실리시박터 중 TrichCH4B]

- 354 [AEM77047.1](#) 추정 접합 릴렉사제 [에스케리키아 콜라이]
- 355 [EHC71302.1](#) IncW 플라스미드 접합 릴렉사제 단백질 TrwC [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 몬테비데오 균주 S5-403]
- 356 [YP_004765041.1](#) TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|AEK64833.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 357 [YP_004553102.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [스핑고비움 클로로페놀리쿰 L-1] >gb|AEG48596.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [스핑고비움 클로로페놀리쿰 L-1]
- 358 [NP_073253.1](#) 가설 단백질 pKDSC50_p29 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스] >dbj|BAB20536.1| orf29 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]
- 359 [YP_004535774.1](#) DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 TrwC [노보스핑고비움 종 PP1Y] >emb|CCA93956.1| DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 TrwC [노보스핑고비움 종 PP1Y]
- 360 [AEA76430.1](#) VirD2 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 361 [YP_001806422.1](#) 추정 TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142] >ref|ZP_08974453.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51472] >gb|ACB54356.1| 추정 TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142] >gb|EHC22136.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51472]
- 362 [ZP_08138981.1](#) TrwC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51] >gb|EGB99721.1| TrwC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51]
- 363 [YP_394134.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [슐푸리모나스 데니트리피칸스 DSM 1251] >gb|ABB44899.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [슐푸리모나스 데니트리피칸스 DSM 1251]
- 364 [EGQ61142.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디티오바실루스 종 GGI-221]
- 365 [ZP_06732944.1](#) TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535] >gb|EFF45919.1| TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535]
- 366 [YP_004218965.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 종

- MP5ACTX9] >gb|ADW70185.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 중 MP5ACTX9]
- 367 YP_001941994.1 릴렉사제 [부르크홀데리아 멀티보란스 ATCC 17616]
>dbj|BAG48004.1| 릴렉사제 [부르크홀데리아 멀티보란스
ATCC 17616]
- 368 EDZ39520.1 미지의 기능의 단백질 [렙토스피릴룸 중 균 II '5-경로 CG']
- 369 YP_004415459.1 TrwC 단백질 [푸실리모나스 중 T7-7] >gb|AEC18835.1| TrwC
[푸실리모나스 중 T7-7]
- 370 YP_003545248.1 traI/trwC-유사 단백질 [스핑크비움 자포니쿰 UT26S]
>dbj|BAI96636.1| traI/trwC-유사 단백질 [스핑크비움 자포니쿰
UT26S]
- 371 YP_004184501.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [테리글로부스 사아넨시스
SP1PR4] >gb|ADV84507.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4]
- 372 EGD06685.1 릴렉사제 [부르크홀데리아 중 TJI49]
- 373 ADQ53945.1 추정 접합 전달 단백질 [비브리오 하르베이]
- 374 YP_004089509.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아스틱카쿨리스
엑센트리쿠스 CB 48] >gb|ADU15358.1| 접합 릴렉사제 도메인
단백질 [아스틱카쿨리스 엑센트리쿠스 CB 48]
- 375 YP_004183694.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [테리글로부스 사아넨시스
SP1PR4] >gb|ADV83700.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4]
- 376 YP_003900289.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [시아노테세 중 PCC 7822]
>gb|ADN18223.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세
중 PCC 7822]
- 377 EDZ40407.1 추정 고정화 단백질 TraA [렙토스피릴룸 중 균 II '5-경로 CG']
- 378 YP_004534918.1 TrwC 단백질 [노보스핑크비움 중 PP1Y] >emb|CCA93100.1|
TrwC 단백질 [노보스핑크비움 중 PP1Y]
- 379 YP_004210530.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 중
MP5ACTX9] >gb|ADW71403.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 중 MP5ACTX9]
- 380 YP_003642130.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [티오모나스 인터메디아 K12]
>gb|ADG29800.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [티오모나스
인터메디아 K12]
- 381 YP_004277247.1 추정 릴렉사제 TrwC [아시디필리움 멀티보룸 AIU301]

- >dbj|BAJ83174.1| 추정 릴렉사제 TrwC [아시디필리움
멀티보름 AIU301]
- 382 [NP_857772.1](#) DNA 헬리카제 I [에르시니아 페스티스 KIM]
>gb|AAC62598.1| DNA 헬리카제 I 상동체 [에르시니아
페스티스 KIM 10]
- 383 [EGB74534.1](#) 가설 단백질 HMPREF9532_05052 [에스케리키아 콜라이 MS
57-2]
- 384 [ZP_08138968.1](#) 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51] >gb|EGB99738.1|
추정 TraC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51]
- 385 [YP_002756187.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼
ATCC 51196] >gb|ACO33202.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 386 [ZP_07392869.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [쉐와넬라 발티카 OS183]
>gb|EFM14850.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [쉐와넬라
발티카 OS183]
- 387 [YP_004210680.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 종
MP5ACTX9] >gb|ADW71553.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 종 MP5ACTX9]
- 388 [EAY56629.1](#) 개연적 TrwC 단백질 [렙토스피릴룸 루바룸] >gb|EDZ40199.1|
개연적 TrwC 단백질 [렙토스피릴룸 종 균 II '5-경로 CG']
- 389 [YP_068423.1](#) 가설 단백질 pYV0010 [에르시니아 슈도투베르쿨로시스 IP
32953] >ref|YP_636862.1| 가설 단백질 YPA_CD0064
[에르시니아 페스티스 안티쿠아] >ref|YP_001154654.1| 가설
단백질 YPDSF_4027 [에르시니아 페스티스 페스토이데스 F]
>ref|ZP_02223644.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 F1991016]
>ref|ZP_02228817.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 IP275]
>ref|ZP_02240536.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 B42003004]
>ref|ZP_02307420.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI, 축중성
[에르시니아 페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 UG05-0454]
>ref|ZP_02314239.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 MG05-1020]
>ref|YP_001874636.1| 가설 단백질 YPTS_4236 [에르시니아

슈도투베르쿨로시스 PB1/+]>ref|ZP_04512059.1| 가설 단백질
YPS_4743 [에르시니아 페스티스 페스토이테스 A]
>ref|ZP_04515390.1| 가설 단백질 YPF_4781 [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 인디아 195]
>ref|ZP_06208241.1| 보존된 가설 단백질 [에르시니아
페스티스 KIM D27]>ref|YP_003560562.1| 가설 단백질
YPZ3_pCD0057 [에르시니아 페스티스 Z176003]
>emb|CAF25353.1| 가설 단백질 pYV0010 [에르시니아
슈도투베르쿨로시스 IP 32953]>gb|ABG16308.1| 보존된 가설
단백질 [에르시니아 페스티스 안티쿠아]>gb|ABP42364.1|
보존된 가설 단백질 [에르시니아 페스티스 페스토이테스 F]
>gb|EDR30419.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 IP275]
>gb|EDR37549.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 F1991016]
>gb|EDR48790.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 B42003004]
>gb|EDR55744.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 MG05-1020]
>gb|EDR60070.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI, 축중성
[에르시니아 페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 UG05-0454]
>gb|ACC91179.1| 보존된 가설 단백질 [에르시니아
슈도투베르쿨로시스 PB1/+]>gb|EEO78854.1| 가설 단백질
YPF_4781 [에르시니아 페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주
인디아 195]>gb|EEO88209.1| 가설 단백질 YPS_4743
[에르시니아 페스티스 페스토이테스 A]>gb|ACY64369.1|
가설 단백질 YPD8_pCD0058 [에르시니아 페스티스 D182038]
>gb|EFA45691.1| 보존된 가설 단백질 [에르시니아 페스티스
KIM D27]>gb|ADE66510.1| 가설 단백질 YPZ3_pCD0057
[에르시니아 페스티스 Z176003]>gb|ADW01081.1| 가설
단백질 YPCD1.84c [에르시니아 페스티스 비오바르
메디에발리스 균주 하르빈 35]
390 NP_995413.1 가설 단백질 YP_pCD97 [에르시니아 페스티스 비오바르
미크로투스 균주 91001]>ref|YP_001293896.1| 가설 단백질
YPE_4171 [에르시니아 페스티스 CA88-4125]

- >ref|YP_004209998.1| DNA 헬리카제 TraI [에르시니아 페스티스 자바 9] >gb|AAC69825.1| 추정 DNA 헬리카제 [에르시니아 페스티스 KIM 10] >emb|CAB54961.1| 가설 단백질 YPCD1.84c [에르시니아 페스티스 CO92]
- >gb|AAS58604.1| 가설 단백질 YP_pCD97 [에르시니아 페스티스 비오바르 미크로투스 균주 91001] >gb|ABR14812.1| 가설 단백질 YPCD1.84c [에르시니아 페스티스 CA88-4125] >gb|ACY60596.1| 가설 단백질 YPD4_pCD0057 [에르시니아 페스티스 D106004] >gb|ADW66982.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI, 축중성 [에르시니아 페스티스 자바 9]
- 391 ZP_08634947.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디필리움 종 PM] >gb|EGO93257.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디필리움 종 PM]
- 392 ZP_01301850.1 가설 단백질 SKA58_02210 [스핑크모나스 종 SKA58] >gb|EAT10555.1| 가설 단백질 SKA58_02210 [스핑크모나스 종 SKA58]
- 393 YP_002754293.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196] >gb|ACO32493.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 394 YP_001818827.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1] >gb|ACB75227.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1]
- 395 EGT71208.1 가설 단백질 C22711_5244 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 396 YP_001522273.1 가설 단백질 AM1_E0190 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW32959.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 397 YP_003891048.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7822] >gb|ADN18683.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7822]
- 398 YP_001521867.1 가설 단백질 AM1_D0057 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW32552.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 399 YP_004748378.1 TraI 단백질 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1] >gb|AEK57678.1| 추정 TraI 단백질 [아시디티오바실루스

- 칼두스 SM-1]
- 400 YP_002380579.1 릴렉사제 [시아노테세 종 PCC 7424] >gb|ACK74122.1| 접합
릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7424]
- 401 ZP_08634902.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디필리움 종 PM]
>gb|EGO93301.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시디필리움 종 PM]
- 402 ZP_05738878.1 TraI [실리시박터 종 TrichCH4B] >gb|EEW61153.1| TraI
[실리시박터 종 TrichCH4B]
- 403 YP_001821352.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-
1] >gb|ACB77752.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[오피투투스 테라에 PB90-1]
- 404 ZP_02733385.1 TrwC 단백질 [궤마타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 405 YP_004183160.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [테리글로부스 사아넨시스
SP1PR4] >gb|ADV83166.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4]
- 406 YP_001522155.1 TrwC 단백질, 추정 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW32841.1| TrwC 단백질, 추정 [아카리오클로리스
마리나 MBIC11017]
- 407 YP_002478348.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7425]
>gb|ACL47649.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세
종 PCC 7425]
- 408 YP_002756241.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼
ATCC 51196] >gb|ACO34343.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 409 YP_001521036.1 가설 단백질 AM1_A0387 [아카리오클로리스 마리나
MBIC11017] >gb|ABW31505.1| 보존된 가설 단백질
[아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 410 YP_004416953.1 TrwC 단백질 [푸실리모나스 종 T7-7] >gb|AEC20329.1| TrwC
[푸실리모나스 종 T7-7]
- 411 YP_001521806.1 가설 단백질 AM1_C0379 [아카리오클로리스 마리나
MBIC11017] >gb|ABW32306.1| 보존된 가설 단백질
[아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 412 YP_001357151.1 가설 단백질 NIS_1688 [니트라티룸토르 종 SB155-2]
>dbj|BAF70794.1| 보존된 가설 단백질 [니트라티룸토르 종
SB155-2]

- 413 [ZP_07030639.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 중 MP5ACTX8] >gb|EF157018.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 중 MP5ACTX8]
- 414 [YP_530542.1](#) 추정 ATP-의존성 엑소DNAse (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [로도슈도모나스 팔루스트리스 BisB18] >gb|ABD86223.1| 추정 ATP-의존성 엑소DNAse (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 [로도슈도모나스 팔루스트리스 BisB18]
- 415 [NP_052442.1](#) 가설 단백질 pYVe227_p65 [에르시니아 엔테로콜리티카] >ref|YP_004424975.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에르시니아 엔테로콜리티카 아종 팔레아르크티카 105.5R(r)] >gb|AAD16862.1| TraI [에르시니아 엔테로콜리티카 W22703] >gb|ADZ44506.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에르시니아 엔테로콜리티카 아종 팔레아르크티카 105.5R(r)]
- 416 [YP_004783051.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3] >gb|AEM46725.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3]
- 417 [YP_003262832.1](#) 릴렉사제 [할로티오바실루스 네아폴리타누스 c2] >gb|ACX95785.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [할로티오바실루스 네아폴리타누스 c2]
- 418 [ADQ53973.1](#) 추정 접합 전달 단백질 [비브리오 하르베이]
- 419 [EDZ37984.1](#) 접합 전달 단백질, TraA [렙토스피릴룸 중 군 II '5-경로 CG'] >gb|EES53692.1| 추정 접합 전달 단백질 (TraA) [렙토스피릴룸 페로니아조트로폼]
- 420 [YP_001522591.1](#) 가설 단백질 AM1_G0097 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW33277.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 421 [EAY56417.1](#) 추정 접합 전달 단백질 (TraA) [렙토스피릴룸 루바룸]
- 422 [YP_459829.1](#) 가설 단백질 ELI_14700 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594] >gb|ABC65032.1| 가설 단백질 ELI_14700 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594]
- 423 [YP_001818081.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1] >gb|ACB74481.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1]
- 424 [ZP_07745472.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [무실라기니박터 팔루디스 DSM 18603] >gb|EFQ78684.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질

- [무실라기니박터 팔루디스 DSM 18603]
- 425 CBA73957.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [아르세노포누스 나소니아에]
- 426 YP_002248140.1 가설 단백질 THEYE_A0292 [썬모데슬포비브리오
엘로우스토나이 DSM 11347] >gb|ACI21318.1| 가설 단백질
THEYE_A0292 [썬모데슬포비브리오 엘로우스토나이 DSM
11347]
- 427 ZP_06641691.1 보존된 가설 단백질 [세라티아 오도리페라 DSM 4582]
>gb|EFE93295.1| 보존된 가설 단백질 [세라티아 오도리페라
DSM 4582]
- 428 ZP_05056614.1 TrwC 릴렉사제 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움
DG1235] >gb|EDY81754.1| TrwC 릴렉사제 패밀리
[베루코미크로비아에 박테리움 DG1235]
- 429 ZP_03723740.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [오피투타세아에 박테리움
TAV2] >gb|EEG22230.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[오피투타세아에 박테리움 TAV2]
- 430 YP_004210579.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 종
MP5ACTX9] >gb|ADW71452.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 종 MP5ACTX9]
- 431 YP_001522671.1 가설 단백질 AM1_H0004 [아카리오클로리스 마리나
MBIC11017] >gb|ABW33357.1| 보존된 가설 단백질
[아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 432 YP_001573657.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [부르크홀데리아
멀티보란스 ATCC 17616] >gb|ABX19857.1| 접합 릴렉사제
도메인 단백질 [부르크홀데리아 멀티보란스 ATCC 17616]
- 433 EDZ39038.1 접합 단백질, TraA [렙토스피릴룸 종 군 II '5-경로 CG']
- 434 YP_001632380.1 접합 전달 단백질 [보르데텔라 페트리이 DSM 12804]
>emb|CAP44112.1| 접합 전달 단백질 [보르데텔라 페트리이]
- 435 ZP_06242489.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [빅티발리스 바텐시스 ATCC
BAA-548] >gb|EFB01386.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[빅티발리스 바텐시스 ATCC BAA-548]
- 436 EDZ37956.1 접합 단백질, TraA [렙토스피릴룸 종 군 II '5-경로 CG']
- 437 YP_004488214.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [텔프티아 종 Cs1-4]
>gb|AEF89859.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [텔프티아 종
Cs1-4]
- 438 ZP_00208504.1 COG0507: ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파

- 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [마그네토스피릴룸 마그네토타키툼 MS-1]
- 439 [ACJ47794.1](#) TraI [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 440 [ZP_02730551.1](#) TrwC 단백질 [젠타타 오브스큐리클로부스 UQM 2246]
- 441 [ZP_06244759.1](#) TrwC 릴렉사제 [빅티발리스 바덴시스 ATCC BAA-548]
>gb|EFA99396.1| TrwC 릴렉사제 [빅티발리스 바덴시스 ATCC BAA-548]
- 442 [YP_003022160.1](#) 릴렉사제 [게오박터 중 M21] >gb|ACT18402.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [게오박터 중 M21]
- 443 [YP_001521304.1](#) 가설 단백질 AM1_B0272 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW31991.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 444 [ZP_01091846.1](#) 가설 단백질 DSM3645_02833 [블라스토피렐룰라 마리나 DSM 3645] >gb|EAQ79376.1| 가설 단백질 DSM3645_02833 [블라스토피렐룰라 마리나 DSM 3645]
- 445 [CAZ88117.1](#) 추정 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [티오모나스 중 3As]
- 446 [YP_004718365.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [술포바실루스 아시도필루스 TPY] >gb|AEJ38622.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [술포바실루스 아시도필루스 TPY]
- 447 [YP_002553030.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [아시도보락스 에브레우스 TPSY] >gb|ACM33030.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도보락스 에브레우스 TPSY]
- 448 [YP_003386820.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [스피로소마 링구알레 DSM 74] >gb|ADB38021.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [스피로소마 링구알레 DSM 74]
- 449 [YP_001119893.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [부르크홀데리아 비에트나미엔시스 G4] >gb|ABO55058.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [부르크홀데리아 비에트나미엔시스 G4]
- 450 [YP_315444.1](#) 추정 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [티오바실루스 테니트리피칸스 ATCC 25259] >gb|AAZ97639.1| 추정 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 [티오바실루스

- 테니트리피칸스 ATCC 25259]
- 451 [YP_003071370.1](#) 가설 단백질 p2METDI0024 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4] >emb|CAX17153.1| 가설 단백질 p2METDI0024 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4]
- 452 [YP_003125939.1](#) 집합 릴렉사제 [키티노파가 피넨시스 DSM 2588] >gb|ACU63738.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [키티노파가 피넨시스 DSM 2588]
- 453 [ZP_08495729.1](#) TrwC 릴렉사제 [미크로콜레우스 바기나투스 FGP-2] >gb|EGK83455.1| TrwC 릴렉사제 [미크로콜레우스 바기나투스 FGP-2]
- 454 [EFZ53417.1](#) traI 도메인 단백질 [시겔라 손네이 53G]
- 455 [EGR70910.1](#) 집합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 LB226692] >gb|EGT71210.1| 가설 단백질 C22711_5246 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 456 [YP_002912178.1](#) ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [부르크홀테리아 글루마에 BGR1] >gb|ACR29474.1| 추정 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [부르크홀테리아 글루마에 BGR1]
- 457 [ZP_01089566.1](#) 가설 단백질 DSM3645_27912 [블라스토피렐라 마리나 DSM 3645] >gb|EAQ81482.1| 가설 단백질 DSM3645_27912 [블라스토피렐라 마리나 DSM 3645]
- 458 [YP_002753784.1](#) DNA 헬리카제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196] >gb|ACO31544.1| DNA 헬리카제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 459 [EFZ60916.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 LT-68]
- 460 [ZP_08262009.1](#) 단백질 traI [아스틱카카울리스 비프로스테쿰 C19] >gb|EGF93811.1| 단백질 traI [아스틱카카울리스 비프로스테쿰 C19]
- 461 [AEI11045.1](#) TrwC 릴렉사제 [[셀비브리오] 길부스 ATCC 13127]
- 462 [ZP_05040209.1](#) 가설 단백질 S7335_1177 [시네코코쿠스 종 PCC 7335] >gb|EDX82473.1| 가설 단백질 S7335_1177 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
- 463 [YP_001840830.1](#) ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 마리눔 M] >gb|ACC43896.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 마리눔 M]

- >emb|CAM59642.2| TraA/ATP-의존성 엑소 DNase/릴렉사제
[미코박테리움 아브세수스]
- 464 [YP_001700713.1](#) TraA/ATP-의존성 엑소 DNase/릴렉사제 [미코박테리움
아브세수스 ATCC 19977]
- 465 [CAC86586.1](#) 접합 전달 단백질 [아그로박테리움 투메파시엔스]
- 466 [NP_355808.2](#) 접합 단백질 [아그로박테리움 투메파시엔스 균주 C58]
>gb|AAK88593.2| 접합 단백질 [아그로박테리움 투메파시엔스
균주 C58]
- 467 [YP_001120496.1](#) 가설 단백질 Bcep1808_2669 [부르크홀데리아
비에트나미엔시스 G4] >gb|ABO55661.1| 가설 단백질
Bcep1808_2669 [부르크홀데리아 비에트나미엔시스 G4]
- 468 [EGW76304.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 STEC_B2F1]
- 469 [YP_002979543.1](#) Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv.
트리폴리이 WSM1325] >gb|ACS61298.1| Ti-유형 접합 전달
릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리이
WSM1325]
- 470 [EHB44041.1](#) TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 로테시아에 JS60]
- 471 [YP_002984810.1](#) Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv.
트리폴리이 WSM1325] >gb|ACS59848.1| Ti-유형 접합 전달
릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리이
WSM1325]

- 472 [ZP_06848350.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로폴라세움 ATCC BAA-614] >gb|EFG78300.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로폴라세움 ATCC BAA-614]
- 473 [YP_001972793.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraA [스테노트로포모나스 말토필리아 K279a] >emb|CAQ46500.1| 추정 접합 전달 단백질 TraA [스테노트로포모나스 말토필리아 K279a]
- 474 [ZP_06760230.1](#) 추정 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [베일로넬라 중 3_1_44] >gb|EFG22831.1| 추정 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [베일로넬라 중 3_1_44]
- 475 [YP_001840914.1](#) TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 ACICU] >gb|ACC59036.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 ACICU]
- 476 [YP_003311407.1](#) TrwC 릴렉사제 [베일로넬라 파르볼라 DSM 2008] >gb|ACZ24127.1| TrwC 릴렉사제 [베일로넬라 파르볼라 DSM 2008]
- 477 [ZP_08208016.1](#) TrwC 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM 19370] >gb|EGD59848.1| TrwC 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM 19370]
- 478 [XP_003342708.1](#) 가설 단백질 SMAC_10304 [소르다리아 마크로스포라 k-hell] >emb|CBI60879.1| 명칭이 정해지지 않은 단백질 생성물 [소르다리아 마크로스포라]
- 479 [YP_004074482.1](#) TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 중 Spyr1] >gb|ADU02001.1| TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 중 Spyr1]
- 480 [YP_935511.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [미코박테리움 중 KMS] >gb|ABL94696.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [미코박테리움 중 KMS]
- 481 [YP_004100308.1](#) TrwC 릴렉사제 [인트라스포랑기움 칼븀 DSM 43043] >gb|ADU49581.1| TrwC 릴렉사제 [인트라스포랑기움 칼븀 DSM 43043]
- 482 [YP_003326911.1](#) TrwC 릴렉사제 [실라니모나스 셀룰로실리티카 DSM 15894] >gb|ACZ31353.1| TrwC 릴렉사제 [실라니모나스 셀룰로실리티카 DSM 15894]
- 483 [YP_001136860.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [미코박테리움 길뮌 PYR-

- GCK] >gb|ABP48072.1| ATP-의존성 엑소 DNase
(엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I
구성원-유사 단백질 [미코박테리움 길봄 PYR-GCK]
- 484 YP_001776789.1 접합 펄럭사제 도메인-함유 단백질 [메틸로박테리움
라디오톨레란스 JCM 2831] >gb|ACB28273.1| 접합 펄럭사제
도메인 단백질 [메틸로박테리움 라디오톨레란스 JCM 2831]
- 485 NP_862296.1 전달 단백질 상동체 TraA [코리네박테리움 글루타미쿰]
>gb|AAG00272.1|AF164956_4 전달 단백질 상동체 TraA
[코리네박테리움 글루타미쿰]
- 486 YP_001851874.1 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움
마리눔 M] >gb|ACC42019.1| ATP-의존성 엑소 DNase
(엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 마리눔 M]
- 487 AAS20144.1 TraA-유사 단백질 [아르트로박터 아우레센스]
- 488 YP_949993.1 추정 TraA-유사 단백질 [아르트로박터 아우레센스 TC1]
>gb|ABM10415.1| 추정 TraA-유사 단백질 [아르트로박터
아우레센스 TC1]
- 489 YP_004271377.1 TrwC 펄럭사제 [플랑크토미세스 브라실리엔시스 DSM 5305]
>gb|ADY61355.1| TrwC 펄럭사제 [플랑크토미세스
브라실리엔시스 DSM 5305]
- 490 YP_001243088.1 추정 ATP-의존성 엑소 DNase [브라디리조비움 종 BTAi1]
>gb|ABQ39182.1| 추정 ATP-의존성 엑소 DNase
[브라디리조비움 종 BTAi1]
- 491 YP_771309.1 추정 접합 전달 단백질 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv.
비시아에 3841] >emb|CAK03225.1| 추정 접합 전달 단백질
TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 비시아에 3841]
- 492 ZP_02730298.1 TrwC 단백질 [젬마타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 493 EGQ61143.1 접합 펄럭사제 도메인 단백질 [아시디티오바실루스 종 GGI-
221]
- 494 YP_002978744.1 Ti-유형 접합 전달 펄럭사제 TraA [리조비움 레구미노사룸
bv. 트리폴리이 WSM1325] >gb|ACS60993.1| Ti-유형 접합
전달 펄럭사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리이
WSM1325]
- 495 YP_002973152.1 Ti-유형 접합 전달 펄럭사제 TraA [리조비움 레구미노사룸
bv. 트리폴리이 WSM1325] >gb|ACS59191.1| Ti-유형 접합
전달 펄럭사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리이

- WSM1325]
- 496 [ZP_06846967.1](#) ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로폴라세움 ATCC BAA-614] >gb|EFG79701.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로폴라세움 ATCC BAA-614]
- 497 [YP_003377696.1](#) TraA [코리네박테리움 글루타미쿰] >dbj|BAI66031.1| TraA, 코리네박테리움 글루타미쿰 LP-6 플라스미드 pGA2
- 498 [ZP_06846356.1](#) Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [부르크홀데리아 종 Ch1-1] >gb|EFG66015.1| Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [부르크홀데리아 종 Ch1-1]
- 499 [YP_001136826.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [미코박테리움 길봄 PYR-GCK] >ref|YP_004074551.1| TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 종 Spyr1] >gb|ABP48038.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [미코박테리움 길봄 PYR-GCK] >gb|ADU02070.1| TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 종 Spyr1]
- 500 [YP_949954.1](#) 추정 TraA-유사 접합 전달 단백질 [아르트로박터 아우레센스

표 7은 하기 표인

서열 번호	명칭	균주	NCBI 참조	TraI Eco에 대한 동일성%	RecD- 유사 모티프 I (서열 번호)	RecD- 유사 모티프 V (서열 번호)	Mob F 또는 Q 모티프 III (서열 번호)
61	TraI Eco	에스케리키아 콜라이	NCBI 참조 서열: NP_061483.1 진뱅크 AAQ98619.1	-	GYAGV GKT (62)	YAITA HGAQG (63)	HDTSR DQEPQ LHTH (64)
65	TrwC Cba	시트로미크로 비움 배티오마리눔 JL354	NCBI 참조 서열: ZP_06861556.1	15%	GIAGA GKS (66)	YALNV HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (68)
69	TrwC Hne	할로티오바실 루스 네아폴리타누 스 c2	NCBI 참조 서열: YP_003262832.1	11.5%	GAAGA GKT (70)	YCITIH RSQG (71)	HEDAR TVDDI ADPQL HTH (72)
73	TrwC Eli	에리트로박테 리토랄리스 HTCC2594	NCBI 참조 서열: YP_457045.1	16%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (68)
74	TrwC Eco	이.콜라이	CAA44853.2	11.998%	GFAGT GKS (75)	YATTV HSSQG (76)	HETSRE RDPQL HTH (77)
78	TraA Atu	아그로박테리 움 투메파시엔스 C58	AAC17212.1	12.68%	GRAGA GKT (79)	YATTIH KSQG (80)	GMVAD WVYH DNPGN PHIH (81)
82	TrwC Sac	술포바실루스 아지도필루스 TPY	YP_004718365.1	9.487%	GAAGT GKT (83)	YASTA HKSQG (84)	HSTSR AQDPH LHSH (85)
86	TrwC Afe	아지디티오바 실루스 페리보란스 SS3	YP_004783051.1	10.247%	GHAGA GKT (87)	YAGTT HRNQG (88)	HASSR EQDPQI HSH (89)
90	TrwC Tsa	테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4	YP_004184501.1	14.689%	GLAGT GKT (91)	YAVTS HSSQG (92)	HDTAR PVNGY AAPQL HTH (93)
94	TrwC Mph	미크로루나투 스 포스포보루스 NM-1	YP_004574196.1	11.467%	GPAGA GKT (95)	YAITA HRAQG (96)	HYDSR AGDPQ LHTH (97)
98	TrwC Tye	썬모데술포비 브리오 엘로우스토니 이 DSM 11347	YP_002248140.1	8.487%	GWAG VGKT (99)	YAVTA DHMQG (100)	HLCGR LDPQIH NH (101)

102	TrwC Rma	로도씨무스 마리누스 SG0.5JP17- 172	YP_004826542.1	11.909%	GVAGA GKT (103)	YALTID SAQG (104)	HMTSG DGSPH LHVH (105)
106	TraA Oma	오세아니 카울리스 알렉산드리이 HTCC2633	ZP_00953568.1	12.099%	GYAGT GKS (107)	YAATI HKAQG (108)	GMIAD LVNVH WDIGE DGKAK PHAH (109)
110	TrwC Cjlt	시트로미크로 비움 중 JLT1363	ZP_08701842.1	12.371%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (111)
112	TrwC Esd	에리트로박터 중 SD-21	ZP_01863208.1	12.907%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (111)
113	TrwC Enap	에리트로박터 중 NAP1	ZP_01039301.1	12.969%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (111)
114	TrwC Npe	노보스펑고비 움 펜타로마티보 란스 US6-1	ZP_09190449.1	12.765%	GVAGA GKS (115)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN AHFH (116)
117	TrwC Nni	노보스펑고비 움 나트로게니퍼 겐스 DSM 19370	ZP_08210392.1	11.82%	GGAGV GKS (118)	YAINV HIAQG (119)	HDVSR NNDPQ LHVH (120)
121	TrwC Swi	스펑고모나스 비티하이 RW1	YP_001260099.1	13.945%	GIAGA GKS (66)	YALNM HMAQG (122)	HDTSR ALDPQ GHIH (123)
124	TrwC Ska	스펑고모나스 중 KA1	YP_718086.1	14.119%	GVAGA GKS (115)	YALNA HMAQG (67)	HDTSR ALDPQ GHIH (123)
125	TrwC Pma	칸디다투스 푸니세이스피 릴룸 마리눔 IMCC1322	YP_003552078.1	12.91%	GRAGT GKT (126)	FASTA HGAQG (127)	HEASR NLDPQ LHSH (128)
129	TrwC Pbe	파르쿨라르쿨 라 베르무텐시스 HTCC2503	YP_003853339.1	13.141%	GYAGT GKT (130)	YAMTS HAAQG (131)	HDISR KDPQL HTH (132)
133	TrwC Ajs	아지도보락스 중 JS42	YP_974028.1	12.52%	GLAGT GKT (91)	YAQTV HASQG (134)	HNTSR DLDPQ THTH (135)
136	TrwC Ccr	카울로박터 크레센투스 NA1000	YP_002515847.1	13.137%	GFAGT AKT (137)	YVQTA FAAQG (138)	HETSR AQDPQ LHTH

							(139)
140	TrwC Sal	스펩고펙시스 알라스켄시스 RB2256	YP_617529.1	14.193%	GYAGT AKT (141)	YVDTA FAAQG (142)	HGTSR AQDPQ LHTH (143)
144	TrwC Atr	아세토박티 트로피칼리스 NBRC 101654	ZP_08645753.1	13.171%	GYAGT AKT (141)	YASTA FAAQG (145)	HGTSR ALDPQ LHSH (146)
147	TrwC Aca	아시도박테리 움 캡슐라툼	YP_002756241.1	11.338%	GSAGS GKT (148)	YAVTS YSAQG (149)	HDTAR PVGGY AAPQL HTH (150)
151	TrwC Gtu	그라눌리셀라 툼드리콜라	YP_004218965.1	14.12%	GLAGT GKT (91)	YAVTS HSSQG (92)	HDTAR PVNGY AAPQL HTH (93)
152	TrwC Bmu	부르크홀테리 아 멀티보란스 ATCC 17616	YP_001941994.1	13.347%	GEAGT GKT (153)	YAHTS YKEQG (154)	HETNR ENEPQ LHNH (155)
156	TrwC Llo	레지오넬라 룽베아카에 NSW150	YP_003455306.1	11.612%	GYAGV AKT (157)	YVLTN YKVQG (158)	QPSSRA NDPAL HTH (159)
160	TrwC Aex	아스틱카카울 리스 엑센트리쿠스 CB 48	YP_004089509.1	11.86%	GSAGT GKT (161)	YSLTA NRAQG (162)	HMSMR AGDPE MHNH (163)
164	TrwC Mra	메틸로박테리 움 라디오톨레란 스 JCM 2831	YP_001776789	11.565%	AGAGT GKT (165)	YAGTV YAAQG (166)	HYTTR EGDPNI HTH (167)
168	TrwC Mpa	미코박테리움 파라스크로폴 라세움 ATCC BAA- 614	ZP_06848350	11.394%	APAGA GKT (169)	YAVTV HAAQG (170)	HETSR AGDPH LHTH (171)

방법.

청구항 18

제17항에 있어서, TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제가 (a) 서열 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나에 나타난 서열을 포함하고 헬리카제 활성을 보유하는 것인 방법.

청구항 19

제1항에 있어서, 염이 KC1인 방법.

청구항 20

기공과 RecD 헬리카제 사이에 복합체를 형성함으로써 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 센서를 형성하는 것을 포함하며, 여기서 표적 폴리뉴클레오티드의 특성화는 0.3M 내지 1.0M의 염 농도를 사용하여 수행되는 것인, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 센서를 형성하는 방법.

청구항 21

제20항에 있어서, (a) 기공과 헬리카제를 표적 폴리뉴클레오티드의 존재 하에 접촉시키고, 기공을 가로지르는 전압 전위 또는 화학 전위를 인가하거나, 또는 (b) 기공을 헬리카제에 공유적으로 부착시킴으로써 복합체를 형성하는 것인 방법.

청구항 22

기공 및 RecD 헬리카제를 포함하는, 0.3M 내지 1.0M의 염 농도에서 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 키트.

청구항 23

제22항에 있어서, 친양쪽성 층을 포함하는 칩을 추가로 포함하는 키트.

청구항 24

다수의 기공 및 다수의 RecD 헬리카제를 포함하는, 0.3M 내지 1.0M의 염 농도에서 샘플 내의 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 분석 장치.

청구항 25

제24항에 있어서,

다수의 기공을 지지할 수 있고, 기공 및 헬리카제를 사용한 폴리뉴클레오티드 특성화를 수행하도록 작동할 수 있는 센서 장치;

특성화를 수행하기 위한 물질을 보유하기 위한 적어도 하나의 저장소;

물질을 적어도 하나의 저장소로부터 센서 장치로 제어가능하게 공급하도록 구성된 유체공학 시스템; 및

각각의 샘플을 수용하기 위한 다수의 용기

를 포함하며, 유체공학 시스템은 샘플을 선별적으로 용기로부터 센서 장치로 공급하도록 구성된 것인 분석 장치.

청구항 26

(a) 표적 폴리뉴클레오티드를 RecD 헬리카제와 접촉시켜, RecD 헬리카제가 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어하도록 하는 단계; 및

(b) RecD 헬리카제가 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어할 때, 표적 뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 나타내는 하나 이상의 측정을 수행함으로써 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 단계

를 포함하며, 0.3M 내지 1.0M의 염 농도를 사용하여 수행되는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 방법.

청구항 27

제26항에 있어서,

(a) 하나 이상의 특징이 (i) 표적 폴리뉴클레오티드의 길이, (ii) 표적 폴리뉴클레오티드의 정체, (iii) 표적 폴리뉴클레오티드의 서열, (iv) 표적 폴리뉴클레오티드의 2차 구조, 및 (v) 표적 폴리뉴클레오티드의 변형 여부로부터 선택되거나;

(b) 표적 폴리뉴클레오티드가 메틸화에 의해, 산화에 의해, 손상에 의해, 또는 하나 이상의 단백질에 의해, 또는 하나 이상의 표지, 태그 또는 스페이서에 의해 변형되거나, 표적 폴리뉴클레오티드의 적어도 일부분이 이중 가닥이거나;

(c) 하나 이상의 특징을 전기 측정, 광학 측정, 또는 둘 모두에 의해 측정하거나;

(d) RecD가 표 4 또는 5에 나타난 헬리카제 중 하나이며, 표 4는 하기 표이고

- 1 NP_295625.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 RecD [테이노코쿠스 라디오두란스 R1] >gb|AAF11453.1|AE002029_2
엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 서브유닛 RecD, 추정 [테이노코쿠스 라디오두란스 R1]
- 2 YP_604297.1 헬리카제 RecD/TraA [테이노코쿠스 게오썬탈리스 DSM 11300]
>gb|ABF45128.1| 헬리카제 RecD/TraA [테이노코쿠스 게오썬탈리스 DSM 11300]
- 3 YP_002786343.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [테이노코쿠스 테세르티 VCD115] >gb|ACO46589.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [테이노코쿠스 테세르티 VCD115]
- 4 3E1S_A 쇠 A, 테이노코쿠스 라디오두란스 Recd2 의 N-말단 절단의 구조
>pdb|3GP8|A 쇠 A, Dna 와 Recd2 의 2 원 복합체의 결정 구조
>pdb|3GPL|A 쇠 A, Dna 및 Adpnp 와 Recd2 의 3 원 복합체의 결정 구조
>pdb|3GPL|B 쇠 B, Dna 및 Adpnp 와 Recd2 의 3 원 복합체의 결정 구조
- 5 YP_004256144.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
>gb|ADY26527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
- 6 YP_004170918.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 마리코펜시스 DSM 21211] >gb|ADV67253.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 마리코펜시스 DSM 21211]
- 7 YP_004256838.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
>gb|ADY27475.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
- 8 YP_003885838.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7822]
>gb|ADN12563.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7822]
- 9 ZP_08579275.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 멀티사카리보락스 DSM 17128] >gb|EGN56845.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 멀티사카리보락스 DSM 17128]
- 10 YP_002377692.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7424]
>gb|ACK70824.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7424]
- 11 YP_001519318.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW30000.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 12 YP_003318882.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스파에로박터 썬모필루스 DSM 20745]
>gb|ACZ38060.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스파에로박터 썬모필루스 DSM 20745]
- 13 YP_004671137.1 가설 단백질 SNE_A07690 [심카니아 네게멘시스 Z]
>emb|CCB88646.1| 비특정화 단백질 yrrC [심카니아 네게멘시스 Z]
- 14 YP_375364.1 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 루테올룸 DSM 273]
>gb|ABB24321.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 루테올룸 DSM 273]
- 15 YP_002418908.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
>gb|ACK80980.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
- 16 YP_003065757.1 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4] >emb|CAX21689.1| 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4]
- 17 ZP_00518989.1 헬리카제 RecD/TraA [크로코스포에라 왓소나이 WH 8501]

- >gb|EAM47924.1| 헬리카제 RecD/TraA [크로코스파에라 왓소나이 WH 8501]
- 18 YP_06973397.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
>gb|EFH81464.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
- 19 YP_08486910.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로미크로비움 알봄 BG8]
>gb|EGL02141.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로미크로비움 알봄 BG8]
- 20 YP_002015362.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [프로스테코클로리스 아에스투아리이 DSM 271] >gb|ACF45715.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프로스테코클로리스 아에스투아리이 DSM 271]
- 21 YP_001130786.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오비브리오이데스 DSM 265] >gb|ABP37284.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움 파에오비브리오이데스 DSM 265]
- 22 YP_002961258.1 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 AM1] >gb|ACS37981.1| 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 AM1]
- 23 YP_08772902.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV16093.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 24 YP_001637509.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 PA1] >gb|ABY28438.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 PA1]
- 25 YP_02062824.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [리케치엘라 그릴리] >gb|EDP46829.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [리케치엘라 그릴리]
- 26 YP_08768753.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV20712.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 27 YP_001922739.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 포폴리 BJ001]
>gb|ACB78204.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 포폴리 BJ001]
- 28 YP_002018300.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메 BU-1] >gb|ACF43683.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메 BU-1]
- 29 YP_06245171.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [빅터발리스 바텐시스 ATCC BAA-548] >gb|EFA98856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [빅터발리스 바텐시스 ATCC BAA-548]
- 30 YP_08771217.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV17997.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 31 YP_08769899.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV18833.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 32 YP_03727363.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [오피투타세아에 박테리움 TAV2]
>gb|EEG18626.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [오피투타세아에 박테리움 TAV2]
- 33 YP_05027797.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420] >gb|EDX74161.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420]
- 34 YP_001521445.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW32131.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 35 YP_002606149.1 RecD3 [테슬포박테리움 아우토티로피쿰 HRM2] >gb|ACN17985.1| RecD3 [테슬포박테리움 아우토티로피쿰 HRM2]
- 36 YP_003165615.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 아큐물리박터 포스파티스 클레이드 IIA 균주 UW-1] >gb|ACV33686.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 아큐물리박터 포스파티스 클레이드 IIA 균주 UW-1]
- 37 YP_01732265.1 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110] >gb|EAZ88318.1| 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110]

- 38 YP_901533.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
>gb|ABK99475.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
- 39 YP_004121205.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
>gb|ADU62459.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
- 40 YP_911313.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오박테로이데스 DSM 266]
>gb|ABL64889.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움 파에오박테로이데스 DSM 266]
- 41 YP_002424008.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
>gb|ACK86080.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
- 42 YP_320143.1 헬리카제 RecD/TraA [아나바에나 바리아빌리스 ATCC 29413]
>gb|ABA24954.1| 헬리카제 RecD/TraA [아나바에나 바리아빌리스 ATCC 29413]
- 43 YP_001603050.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>emb|CAP56758.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 44 YP_05054956.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 307]
>gb|EDY75856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 307]
- 45 YP_003445164.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알로크로마티움 비노숨 DSM 180]
>gb|ADC64132.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알로크로마티움 비노숨 DSM 180]
- 46 NP_490177.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠 [노스톡 중 PCC 7120]
>dbj|BAB78155.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠 [노스톡 중 PCC 7120]
- 47 NP_923575.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글로에오박터 비올라세우스 PCC 7421]
>dbj|BAC88570.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글로에오박터 비올라세우스 PCC 7421]
- 48 YP_001601244.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>emb|CAP54908.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 49 YP_004748470.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1]
>gb|AEK57770.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1]
- 50 YP_004863326.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 클로르아시도박테리움 씨모필룸 B]
>gb|AEP12810.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 클로르아시도박테리움 씨모필룸 B]
- 51 YP_001520750.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW31600.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 52 YP_003197384.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포할로비움 레트바엔세 DSM 5692]
>gb|ACV67806.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포할로비움 레트바엔세 DSM 5692]
- 53 YP_08900128.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [글루콘아세토박터 오보에디엔스 174Bp2]
- 54 YP_002275391.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>gb|ACI50776.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 55 YP_003156740.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포미크로비움 마콜라툼 DSM 4028]
>gb|ACU88324.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리

- 56 JP_08821817.1 [테슬포미크로비움 바쿨라툼 DSM 4028]
헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도코쿠스 트류시이 AZ1]
>gb|EGV33422.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도코쿠스
트류시이 AZ1]
- 57 JP_01731986.1 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110] >gb|EAZ88625.1|
헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110]
- 58 YP_001943002.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 리미콜라 DSM 245]
>gb|ACD90023.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움
리미콜라 DSM 245]
- 59 JP_08318929.1 가설 단백질 SXCC_04894 [글루콘아세토박터 중 SXCC-1]
>gb|EGG74446.1| 가설 단백질 SXCC_04894 [글루콘아세토박터 중
SXCC-1]
- 60 YP_002017890.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메
BU-1] >gb|ACF43273.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온
파에오클라트라티포르메 BU-1]
- 61 JP_07972826.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [시네코코쿠스 중 CB0101]
- 62 YP_003189342.1 DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-
01] >dbj|BAI00963.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-01] >dbj|BAI04011.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-03]
>dbj|BAI07058.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-07] >dbj|BAI10106.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-22]
>dbj|BAI13154.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-26] >dbj|BAI16200.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-32]
>dbj|BAI19184.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-01-42C] >dbj|BAI22230.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-12]
- 63 YP_001959197.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오박테로이데스 BS1]
>gb|ACE03716.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움
파에오박테로이데스 BS1]
- 64 JP_05064957.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 238]
>gb|EDY90196.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터
안타르크티쿠스 238]
- 65 YP_001772290.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 중 4-46]
>gb|ACA19856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 중
4-46]
- 66 YP_001998378.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로바큘룸 파르툼 NCIB 8327]
>gb|ACF11178.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로바큘룸
파르툼 NCIB 8327]
- 67 YP_001869949.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [노스톡 폰크티포르메 PCC 73102]
>gb|ACC84908.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [노스톡
폰크티포르메 PCC 73102]
- 68 JP_08109907.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 중 ND132]
>gb|EGB13792.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오
테슬푸리칸스 ND132]
- 69 JP_06965850.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
>gb|EFH88961.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터
라세미페르 DSM 44963]
- 70 JP_05428586.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 DSM 2360]
>ref|JP_06247696.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움
썬모셀룸 JW20] >gb|EEU02481.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리

- 71 [ZP_05404007.1](#) [클로스트리디움 썬모셀룸 DSM 2360] >gb|EFB38336.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 JW20]
헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미츠오켄라 몰타시다 DSM 20544]
>gb|EEX68970.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미츠오켄라 몰타시다 DSM 20544]
- 72 [YP_002992028.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 살렉시겐스 DSM 2638] >gb|ACS80489.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[데슬포비브리오 살렉시겐스 DSM 2638]
- 73 [ZP_02190744.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
>gb|EDP62587.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
- 74 [ZP_08959149.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [할로모나스 중 HAL1]
>gb|EHA16215.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [할로모나스 중 HAL1]
- 75 [YP_003709145.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [와들리아 콘드로필라 WSU 86-1044] >gb|ADI38139.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [와들리아 콘드로필라 WSU 86-1044]
- 76 [YP_003528424.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 할로필루스 Nc4]
>gb|ADE16037.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 할로필루스 Nc4]
- 77 [ZP_02191403.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
>gb|EDP61760.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
- 78 [YP_004802608.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 중 시렉스 AA-E]
>gb|AEN10068.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 중 시렉스 AA-E]
- 79 [CCB91170.1](#) 비특성화 단백질 yrrC [와들리아 콘드로필라 2032/99]
- 80 [YP_289811.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [썬모비피다 푸스카 YX] >gb|AAZ55788.1| 헬리카제 RecD/TraA [썬모비피다 푸스카 YX]
- 81 [ZP_07015918.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬폰아트노스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1] >gb|EFI36068.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[데슬폰아트노스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1]
- 82 [YP_004766648.1](#) 헬리카제 [메가스파에라 엘스테니이 DSM 20460] >emb|CCC73821.1| 헬리카제 [메가스파에라 엘스테니이 DSM 20460]
- 83 [ZP_04708454.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 11379] >ref|ZP_06584159.1| 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 15998] >gb|EFE74620.1| 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 15998]
- 84 [YP_001039578.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405] >gb|ABN54385.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405]
- 85 [YP_594664.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [로소니아 인트라셀룰라리스 PHE/MN1-00] >emb|CAJ54343.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [로소니아 인트라셀룰라리스 PHE/MN1-00]
- 86 [NP_662288.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, 추정 [클로로비움 테피둠 TLS] >gb|AAM72630.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, 추정 [클로로비움 테피둠 TLS]
- 87 [ZP_08423994.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 아프리카누스 균주 윌비스 베이] >gb|EGJ51099.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[데슬포비브리오 아프리카누스 균주 윌비스 베이]
- 88 [YP_007688.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [칸디다투스 프로토클라미디아

- 아모에보필라 UWE25] >emb|CAF23413.1| 추정
엑소테옥시리보뉴클레아제 V [칸디다투스 프로토클라미디아
아모에보필라 UWE25]
- 89 YP_002953244.1 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포비브리오 마그네터쿠스
RS-1] >dbj|BAH75358.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질
[데슬포비브리오 마그네터쿠스 RS-1]
- 90 ADW05584.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 플라보그리세우스
ATCC 33331]
- 91 ZP_01385982.1 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 페로옥시단스 DSM 13031]
>gb|EAT59085.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 페로옥시단스
DSM 13031]
- 92 YP_001716965.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칸디다투스 데슬포루디스
아우탁스비아토르 MP104C] >gb|ACA59333.1| 헬리카제, RecD/TraA
패밀리 [칸디다투스 데슬포루디스 아우탁스비아토르 MP104C]
- 93 ADL25833.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피브로박터 속시노게네스 아종
속시노게네스 S85]
- 94 YP_002480970.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7425]
>gb|ACL42609.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC
7425]
- 95 YP_004516136.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포토마쿨룸 쿠즈네초비이 DSM
6115] >gb|AEG14335.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[데슬포토마쿨룸 쿠즈네초비이 DSM 6115]
- 96 ZP_08778308.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 [칸디다투스 오디셀라 테살로니센시스
L13]

- 97 [ZP_06825719.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 SPB74]
>gb|EDY42267.2| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 SPB74]
- 98 [ZP_05293745.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 ATCC 51756] >gb|EET26367.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 ATCC 51756]
- 99 [YP_480657.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [프랑키아 종 CcI3] >gb|ABD10928.1| 헬리카제 RecD/TraA [프랑키아 종 CcI3]
- 100 [ZP_07017628.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬폰아트로나스피라 티오디스뮤타스 ASO3-1] >gb|EFI33504.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬폰아트로나스피라 티오디스뮤타스 ASO3-1]
- 101 [YP_379155.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 클로로크로마티이 CaD3] >gb|ABB28112.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 클로로크로마티이 CaD3]
- 102 [YP_004897355.1](#) 헬리카제 [아시다미노코쿠스 인테스티니 RyC-MR95] >gb|AEQ23215.1| 헬리카제 [아시다미노코쿠스 인테스티니 RyC-MR95]
- 103 [ZP_03311944.1](#) 가설 단백질 DESPIG_01864 [테슬포비브리오 피게르 ATCC 29098] >gb|EEB33267.1| 가설 단백질 DESPIG_01864 [테슬포비브리오 피게르 ATCC 29098]
- 104 [YP_004783252.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3] >gb|AEM46926.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3]
- 105 [ZP_03928493.1](#) 헬리카제 [아시다미노코쿠스 종 D21] >gb|EEH89723.1| 헬리카제 [아시다미노코쿠스 종 D21]
- 106 [ZP_06530901.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 리비단스 TK24] >gb|EFD69151.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 리비단스 TK24]
- 107 [ZP_01667371.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모시누스 카르복시디보란스 Nor1] >gb|EAX46825.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모시누스 카르복시디보란스 Nor1]
- 108 [ZP_08942446.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970] >gb|EGZ54636.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
- 109 [NP_626969.1](#) 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 코엘리콜로르 A3(2)] >emb|CAB66276.1| 추정 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 코엘리콜로르 A3(2)]
- 110 [ADU73817.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀름 DSM 1313]
- 111 [YP_001157093.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [살리니스포라 트로피카 CNB-440] >gb|ABP52715.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [살리니스포라 트로피카 CNB-440]
- 112 [ZP_02929767.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [배루코미크로비움 스피노숨 DSM 4136]
- 113 [ZP_08455023.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Tu6071] >gb|EGJ77252.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Tu6071]
- 114 [YP_003022840.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 종 M21] >gb|ACT19082.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 종 M21]
- 115 [YP_003549103.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [코랄리오마르가리타 아카지멘시스 DSM 45221] >gb|ADE54933.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [코랄리오마르가리타 아카지멘시스 DSM 45221]
- 116 [YP_001530229.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3] >gb|ABW68152.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포코쿠스

- 117 YP_004461132.1 올레오보란스 Hxd3]
헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테피다나에로박터 종 Rel]
>gb|AEE91825.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테피다나에로박터 종 Rel]
- 118 ZP_08943153.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
>gb|EGZ54097.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
- 119 ZP_06560617.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 게노모종 유형_1 균주 28L] >ref|ZP_08542183.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 종 UPII 199-6] >gb|EFD93476.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 게노모종 유형_1 균주 28L] >gb|EGL41366.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 종 UPII 199-6]
- 120 YP_002138036.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 베미드지엔시스 Bem]
>gb|ACH38240.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 베미드지엔시스 Bem]
- 121 YP_001300657.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [박테로이테스 불가투스 ATCC 8482] >gb|ABR41035.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [박테로이테스 불가투스 ATCC 8482]
- 122 ZP_07303897.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 비리도크로모게네스 DSM 40736] >gb|EFL32266.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 비리도크로모게네스 DSM 40736]
- 123 YP_003399141.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시다미노코쿠스 페르멘탄스 DSM 20731] >gb|ADB47826.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시다미노코쿠스 페르멘탄스 DSM 20731]
- 124 YP_389216.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20] >gb|ABB39521.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 125 ZP_01085074.1 헬리카제 RecD/TraA [시네코코쿠스 종 WH 5701] >gb|EAQ75130.1| 헬리카제 RecD/TraA [시네코코쿠스 종 WH 5701]
- 126 ZP_07271541.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 종 SPB78] >ref|ZP_07977252.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 SA3_actG] >gb|EFK99909.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 종 SPB78]
- 127 ZP_02731419.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [젬마타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 128 ZP_08287369.1 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 그리세오아우란티아쿠스 M045] >gb|EGG46733.1| 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 그리세오아우란티아쿠스 M045]
- 129 CBX27215.1 가설 단백질 N47_A12440 [비배양 테슬포박테리움 종]
- 130 YP_001530553.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3] >gb|ABW68476.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3]
- 131 ZP_06707995.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 e14] >gb|EFF91117.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 e14]
- 132 ZP_06917215.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 스비세우스 ATCC 29083] >gb|EDY54316.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 스비세우스 ATCC 29083]
- 133 YP_002955020.1 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1] >dbj|BAH77134.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질

- [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1]
- 134 [ZP_07985895.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 중 SA3_actF]
- 135 [YP_003103858.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [악티노신네마 미륨 DSM 43827]
>gb|ACU40012.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [악티노신네마 미륨 DSM 43827]
- 136 [YP_001826337.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 그리세우스 아종 그리세우스 NBRC 13350] >ref|ZP_08238532.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 cf. 그리세우스 XylebKG-1]
>dbj|BAG21654.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 그리세우스 아종 그리세우스 NBRC 13350] >gb|EGE44446.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 그리세우스 XylebKG-1]
- 137 [NP_826506.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 아베르미틸리스 MA-4680] >dbj|BAC73041.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 아베르미틸리스 MA-4680]
- 138 [ZP_01048465.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 중 Nb-311A] >gb|EAQ33584.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 중 Nb-311A]
- 139 [YP_003761194.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 왓소나이 C-113] >gb|ADJ28873.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 왓소나이 C-113]
- 140 [YP_003681742.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [노카르디옉시스 다손빌레이 아종 다손빌레이 DSM 43111] >gb|ADH69236.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [노카르디옉시스 다손빌레이 아종 다손빌레이 DSM 43111]
- 141 [ZP_08944617.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 중 970] >gb|EGZ52593.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 중 970]
- 142 [ZP_08803068.1](#) DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 진시레스스텐스 K42] >gb|EGX59991.1| DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 진시레스스텐스 K42]
- 143 [ZP_07740397.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아미노모나스 파우시보란스 DSM 12260] >gb|EFQ24286.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아미노모나스 파우시보란스 DSM 12260]
- 144 [YP_003250238.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피브로박터 속시노게네스 아종 속시노게네스 S85] >gb|ACX75756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피브로박터 속시노게네스 아종 속시노게네스 S85]
- 145 [ZP_01903329.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [로세오박터 중 AzwK-3b] >gb|EDM71427.1| 헬리카제 RecD/TraA [로세오박터 중 AzwK-3b]
- 146 [ZP_03641678.1](#) 가설 단백질 BACCOPRO_00005 [박테로이데스 코프로필루스 DSM 18228] >gb|EEF74546.1| 가설 단백질 BACCOPRO_00005 [박테로이데스 코프로필루스 DSM 18228]
- 147 [ZP_06578909.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 가나엔시스 ATCC 14672] >gb|EFE69370.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 가나엔시스 ATCC 14672]
- 148 [YP_004652609.1](#) 단백질 yrrC [파라클라미디아 아칸타모에바에 UV7] >emb|CCB86755.1| 비특정화 단백질 yrrC [파라클라미디아 아칸타모에바에 UV7]
- 149 [ZP_06299454.1](#) 가설 단백질 pah_c032o017 [파라클라미디아 아칸타모에바에 균주 홀스 코쿠스] >gb|EFB41460.1| 가설 단백질 pah_c032o017 [파라클라미디아 아칸타모에바에 균주 홀스 코쿠스]
- 150 [YP_001771030.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 중 4-46] >gb|ACA18596.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 중 4-46]
- 151 [ZP_08291769.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미도필라 프시타시 Cal10] >ref|YP_004422478.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파

- [클라미도필라 프시타시 6BC] >emb|CBY17152.1| 추정
 엑소테옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 프시타시 RD1]
 >gb|ADZ18584.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파
 [클라미도필라 프시타시 6BC] >gb|EGF84532.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미도필라 프시타시 Cal10]
 >gb|AEB55661.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라
 프시타시 6BC] >gb|AEG85682.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시 C19/98] >gb|AEG86657.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시
 01DC11] >gb|AEG87635.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛
 알파 [클라미도필라 프시타시 02DC15] >gb|AEG88608.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시
 08DC60]
 152 CCB74558.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 카틀레야 NRRL 8057]
 153 ZP_08077054.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파스콜락토박테리움 종 YIT 12067]
 >gb|EFY04168.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파스콜락토박테리움
 종 YIT 12067]
 154 ZP_07297625.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 히그로스코피쿠스
 ATCC 53653] >gb|EFL25994.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
 [스트렙토미세스 히마스타티니쿠스 ATCC 53653]
 155 ZP_08030087.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 아르테미디스 F0399]
 >gb|EFW30515.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스
 아르테미디스 F0399]

- 156 YP_003300321.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모모노스포라 쿠르바타 DSM 43183]
>gb|ACY98283.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모모노스포라 쿠르바타 DSM 43183]
- 157 YP_001535192.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [살리니스포라 아레니콜라 CNS-205]
>gb|ABV96201.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [살리니스포라 아레니콜라 CNS-205]
- 158 NP_829514.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클라미도필라 카비아에 GPIC]
>gb|AAP05392.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라 카비아에 GPIC]
- 159 ZP_08843685.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [데술포비브리오 중 6_1_46AFAA]
>gb|EGW50561.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [데술포비브리오 중 6_1_46AFAA]
- 160 ZP_07331538.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데술포비브리오 프록토소보란스 JJ]
>gb|EFL52965.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데술포비브리오 프록토소보란스 JJ]
- 161 YP_003491438.1 DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 스카비아에 87.22]
>emb|CBG72898.1| 추정 DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 스카비아에 87.22]
- 162 ZP_08073657.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로시스티스 중 ATCC 49242]
>gb|EFX98756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로시스티스 중 ATCC 49242]
- 163 ZP_07829281.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 중 오랄 탁손 137 균주 F0430]>gb|EFR41310.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 중 오랄 탁손 137 균주 F0430]
- 164 YP_899880.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
>gb|ABK97822.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
- 165 YP_343034.1 헬리카제 RecD/TraA [니트로소코쿠스 오세아니 ATCC 19707]
>gb|ABA57504.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로소코쿠스 오세아니 ATCC 19707]
- 166 YP_004817633.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 비올라세우스니게르 Tu 4113]>gb|AEM87353.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 비올라세우스니게르 Tu 4113]
- 167 BAJ31218.1 추정 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [키타사토스포라 세타에 KM-6054]
- 168 YP_578071.1 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 함부르겐시스 X14]
>gb|ABE63611.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 함부르겐시스 X14]
- 169 ZP_01873510.1 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [렌티스파에라 아라테오사 HTCC2155]>gb|EDM29114.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [렌티스파에라 아라테오사 HTCC2155]
- 170 EFE27709.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [필리팩터 알로시스 ATCC 35896]
- 171 YP_220018.1 추정 엑소데옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 아보르투스 S26/3]
>emb|CAH64067.1| 추정 엑소데옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 아보르투스 S26/3]
- 172 ZP_07327131.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
>gb|EFL61586.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
- 173 YP_002480862.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데술포비브리오 데술포리칸스 아종 데술포리칸스 균주 ATCC 27774]>gb|ACL50184.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데술포비브리오 데술포리칸스 아종 데술포리칸스

- 174 [EGK69360.1](#) 균주 ATCC 27774]
추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라
아보르투스 LLG]
- 175 [YP_001967390.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [리케치아 모나헨시스] >gb|ABQ85878.1|
헬리카제 RecD/TraA [리케치아 모나헨시스]
- 176 [ZP_03754577.1](#) 가설 단백질 ROSEINA2194_03004 [로세부리아 이눌리니보란스 DSM
16841] >gb|EEG93135.1| 가설 단백질 ROSEINA2194_03004
[로세부리아 이눌리니보란스 DSM 16841]
- 177 [ZP_04608382.1](#) 헬리카제 [미크로모노스포라 중 ATCC 39149] >gb|EEP74312.1|
헬리카제 [미크로모노스포라 중 ATCC 39149]
- 178 [YP_001509194.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [프란키아 중 EAN1pec]
>gb|ABW14288.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프란키아 중
EAN1pec]
- 179 [ZP_06771382.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064] >ref|ZP_08215844.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
[스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC 27064] >gb|EFG06981.1|
엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064]
- 180 [ZP_08838047.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 중 4_1_30] >gb|EGW42429.1|
RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 중 4_1_30]
- 181 [CBE67477.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [NC10 박테리움 '더치 세디먼트(Dutch
sediment)']
- 182 [YP_001950493.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 로블레이 SZ]
>gb|ACD93973.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 로블레이
SZ]
- 183 [ZP_02192076.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
>gb|EDP61161.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움
BAL199]
- 184 [ZP_07943852.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 와즈위티아 3_1_6]
>gb|EFV44975.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 와즈위티아
3_1_6]
- 185 [YP_003652363.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모비스포라 비스포라 DSM 43833]
>gb|ADG88470.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모비스포라
비스포라 DSM 43833]
- 186 [ZP_05005893.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064] >gb|EDY50192.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
[스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC 27064]
- 187 [ZP_05065242.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 238]
>gb|EDY90481.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터
안타르크티쿠스 238]
- 188 [CBL24549.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 오베움 A2-162]
- 189 [YP_002499923.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 노둘란스 ORS 2060]
>gb|ACL59620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움
노둘란스 ORS 2060]
- 190 [YP_002432033.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파티바실룸 알케니보란스 AK-01]
>gb|ACL04565.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파티바실룸
알케니보란스 AK-01]
- 191 [ZP_07286835.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 중 C]
>gb|EFL15204.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛
[스트렙토미세스 중 C]
- 192 [YP_001105553.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라 에리트라에아 NRRL 2338]
>ref|ZP_06564045.1| 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라
에리트라에아 NRRL 2338] >emb|CAM02628.1| 헬리카제 RecD/TraA

- [사카로폴리스포라 에리트라에아 NRRL 2338]
- 193 [YP_003639317.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬민콜라 중 JR] >gb|ADG81416.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬민콜라 포텐스 JR]
- 194 [CBK63520.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [알리스티페스 샤히이 WAL 8301]
- 195 [ZP_07940306.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [박테로이데스 중 4_1_36] >gb|EFV24451.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [박테로이데스 중 4_1_36]
- 196 [ZP_08905541.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [데술포비브리오 중 FW1012B]
- 197 [CBL07724.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 M50/1] >emb|CBL13740.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 XB6B4]
- 198 [ZP_03729282.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테티오박터 알칼리필루스 AHT 1] >gb|EEG77838.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테티오박터 알칼리필루스 AHT 1]
- 199 [YP_001220283.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 크립툼 JF-5] >ref|YP_004277111.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아시디필리움 멀티보룸 AIU301] >gb|ABQ29141.1| ATP-의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디필리움 크립툼 JF-5] >dbj|BAJ82969.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아시디필리움 멀티보룸 AIU301]
- 200 [ZP_05382244.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D(s)2923] >gb|ADH20489.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 E/11023]
- 201 [YP_001654372.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 434/Bu] >ref|YP_001653384.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미디아 트라코마티스 L2b/UCH-1/직장염] >ref|ZP_05380402.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 70] >ref|ZP_05381326.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 70s] >ref|ZP_07223747.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2tet1] >ref|YP_004717157.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2c] >emb|CAP03727.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 434/Bu] >emb|CAP06681.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2b/UCH-1/직장염] >emb|CBJ14548.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 스웨덴 2] >gb|ADH16796.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 E/150] >gb|AEJ77066.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2c]
- 202 [ZP_04743359.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 L1-82] >gb|EEV01564.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 L1-82]
- 203 [ZP_08626355.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [아세토네마 톱곰 DSM 6540] >gb|EGO62272.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [아세토네마 톱곰 DSM 6540]
- 204 [YP_004197836.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 중 M18] >gb|ADW12560.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 중 M18]
- 205 [ZP_06415577.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 EUN1f] >gb|EFC81619.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 EUN1f]
- 206 [YP_001618568.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [소란기움 셀룰로움 'So ce 56'] >emb|CAN98088.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [소란기움 셀룰로움 'So ce 56']

- 207 ZP_05000079.1 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Mg1]
>gb|EDX24590.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Mg1]
- 208 ZP_05346027.3 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469] >gb|EET61165.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469]
- 209 ADI10122.1 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 빙첵겐시스 BCW-1]
- 210 YP_001220030.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
>gb|ABQ28888.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
- 211 YP_515278.1 ATP-의존성 dsDNA/ssDNA 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 [클라미도필라 펠리스 Fe/C-56] >dbj|BAE81133.1| ATP-의존성 dsDNA/ssDNA 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 [클라미도필라 펠리스 Fe/C-56]
- 212 ZP_04658601.1 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [셀레노모나스 플루에게이 ATCC 43531] >gb|EEQ49011.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [셀레노모나스 플루에게이 ATCC 43531]
- 213 YP_002887661.1 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/Jali20/OT] >emb|CAX10479.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/Jali20/OT]
- 214 ADH17723.1 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/9768] >gb|ADH19570.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/11074] >gb|ADH96666.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/9301]

- 215 [YP_327831.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A/HAR-13] >ref[YP_002888536.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/TZ1A828/OT] >gb|AAX50283.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A/HAR-13] >emb[CAX09585.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/TZ1A828/OT] >gb|AEP34839.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A2497]
- 216 [ZP_06604245.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 녹시아 ATCC 43541] >gb|EFF65412.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 녹시아 ATCC 43541]
- 217 [YP_004819301.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 위에켈리 Rt8.B1] >gb|AEM78017.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 위에켈리 Rt8.B1]
- 218 [ZP_05353404.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 6276] >ref[ZP_05358380.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 6276s]
- 219 [YP_003340096.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021] >gb|ACZ87353.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021]
- 220 [YP_003965592.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [파에니바실루스 폴리믹사 SC2] >gb|ADO59524.1| 헬리카제 RecD/TraA [파에니바실루스 폴리믹사 SC2]
- 221 [CCA55822.1](#) RecD DNA 헬리카제 YrrC [스트렙토미세스 베네주엘라에 ATCC 10712]
- 222 [NP_296681.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg] >ref[ZP_06194486.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg] >ref[ZP_06195417.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Weiss] >ref[ZP_07224690.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 MopnTet14] >gb|AAF39167.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg]
- 223 [YP_001126584.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [게오바실루스 썬모테니트리피칸스 NG80-2] >ref[ZP_03148778.1] 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬 G11MC16] >gb|ABO67839.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [게오바실루스 썬모테니트리피칸스 NG80-2] >gb|EDY05033.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬 G11MC16]
- 224 [YP_004584034.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [다티스카 글로메라타의 프란키아 공생체] >gb|AEH10113.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [다티스카 글로메라타의 프란키아 공생체]
- 225 [ZP_08710208.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 중 UPII 135-E] >gb|EGS36731.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 중 UPII 135-E]
- 226 [NP_219535.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D/UW-3/CX] >gb|AAC67623.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 [클라미디아 트라코마티스 D/UW-3/CX] >gb|ADH18643.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/11222] >gb|ADI50710.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D-EC] >gb|ADI51722.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D-LC]

- 227 ZP_05899746.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >ref|YP_004412788.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >gb|EEX76180.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >gb|AEB99328.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185]
- 228 ZP_08502002.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [센티페다 페리오돈티이 DSM 2778] >gb|EGK59409.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [센티페다 페리오돈티이 DSM 2778]
- 229 ZP_06590805.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 알부스 J1074] >gb|EFE81266.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 알부스 J1074]
- 230 YP_003116724.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테눌리스포라 아시디필라 DSM 44928] >gb|ACU74883.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테눌리스포라 아시디필라 DSM 44928]
- 231 YP_002953905.1 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포미브리오 마그네티쿠스 RS-1] >dbj|BAH76019.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포미브리오 마그네티쿠스 RS-1]
- 232 ZP_06250970.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 코프리 DSM 18205] >gb|EFB36778.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 코프리 DSM 18205]
- 233 ZP_08634959.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 종 PM] >gb|EGO93242.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 종 PM]
- 234 YP_846029.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB] >gb|ABK17594.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB]
- 235 YP_003476334.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 이탈리아쿠스 Ab9] >gb|ADD01772.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 이탈리아쿠스 Ab9]
- 236 YP_001665762.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 슈테타눌리쿠스 ATCC 33223] >ref|YP_004186752.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 브룩키이 아중 핀나이 Ako-1] >gb|ABY95426.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 슈테타눌리쿠스 ATCC 33223] >gb|ADV80369.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 브룩키이 아중 핀나이 Ako-1]
- 237 YP_001662092.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 종 X514] >ref|ZP_07130620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X561] >ref|YP_003903434.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 종 X513] >gb|ABY91756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X514] >gb|EFK85133.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X561] >gb|ADN54143.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X513]
- 238 ZP_01462693.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1] >gb|EAU66533.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1]
- 239 ZP_07396437.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 종 오랄 타손 149 균주 67H29BP] >gb|EFM24160.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 종 오랄 타손 149 균주 67H29BP]
- 240 ZP_08211163.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 에타눌리쿠스 JW 200] >gb|EGD52738.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 에타눌리쿠스 JW 200]
- 241 YP_003953494.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 v 알파 쇠 [스티그마텔라 아우란티아카

- DW4/3-1] >gb|ADO71667.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쉐
[스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1]
- 242 [YP_003676322.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 마트라니이 아종
마트라니이 균주 A3] >gb|ADH60311.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[썬모안아에로박터 마트라니이 아종 마트라니이 균주 A3]
- 243 [YP_003252104.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y412MC61]
>ref|YP_004133119.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스
종 Y412MC52] >gb|ACX77622.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[게오바실루스 종 Y412MC61] >gb|ADU94976.1| 헬리카제,
RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y412MC52]
- 244 [YP_001918465.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [나트라나에로비우스 썬모필루스
JW/NM-WN-LF] >gb|ACB85877.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[나트라나에로비우스 썬모필루스 JW/NM-WN-LF]
- 245 [ZP_08880276.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라 스피노사 NRRL 18395]
- 246 [ZP_03991439.1](#) 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [오리박테리움
시누스 F0268] >gb|EEJ51318.1| 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
알파 서브유닛 [오리박테리움 시누스 F0268]
- 247 [AAG23283.1](#) 개연적 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [사카로폴리스포라 스피노사]
- 248 [YP_148414.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V [게오바실루스 카우스토피루스
HTA426] >dbj|BAD76846.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V
[게오바실루스 카우스토피루스 HTA426]
- 249 [YP_714380.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [프란키아 알니 ACN14a]
>emb|CAJ62828.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [프란키아 알니
ACN14a]
- 250 [CAJ74974.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 유사 [칸디다투스
쿠에네니아 스투트가르티엔시스]
- 251 [YP_001936773.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [오리엔티아 츠즈가무시
균주 이케다] >dbj|BAG39539.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파
서브유닛 [오리엔티아 츠즈가무시 균주 이케다]
- 252 [YP_001248319.1](#) 헬리카제 RecD/TraA, ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
[오리엔티아 츠즈가무시 균주 보령] >emb|CAM79461.1| 헬리카제
RecD/TraA, ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
[오리엔티아 츠즈가무시 균주 보령]
- 253 [YP_004377643.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클라미도필라 페코룸 E58]
>gb|AEB41940.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라
페코룸 E58]
- 254 [CBL20603.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 종 SR1/5]
- 255 [YP_004421448.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [칸디다투스 리케치아 암블리움미이 AaR/SC]
>gb|AEC46362.1| 헬리카제 RecD/TraA [칸디다투스 리케치아
암블리움미이 AaR/SC]
- 256 [ZP_04857179.1](#) 보존된 가설 단백질 [루미노코쿠스 종 5_1_39B_FAA]
>gb|EES76872.1| 보존된 가설 단백질 [루미노코쿠스 종
5_1_39BFAA]
- 257 [YP_003670549.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 C56-T3]
>gb|ADI25972.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종
C56-T3]
- 258 [YP_003824777.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모세디미니박터 오세아니 DSM
16646] >gb|ADL07154.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[썬모세디미니박터 오세아니 DSM 16646]
- 259 [ZP_08812773.1](#) 가설 단백질 DOT_4190 [테슬포스포로시누스 종 OT]
>gb|EGW37924.1| 가설 단백질 DOT_4190 [테슬포스포로시누스 종
OT]
- 260 [ZP_07757395.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 마이크로누시포르미스

- F0359] >gb|EFQ04462.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 미크로누시포르미스 F0359]
- 261 ZP_08131496.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 D5] >gb|EGB91345.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 D5]
- 262 ZP_04698234.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [익소테스 스카폴라리스의 리케치아 내공생체] >gb|EER20781.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [익소테스 스카폴라리스의 리케치아 내공생체]
- 263 AEH95290.1 추정 헬리카제 [아플리시나 아에로포바 박테리아 공생체 클론 AANRPS]
- 264 YP_002464026.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아그레간스 DSM 9485] >gb|ACL25590.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아그레간스 DSM 9485]
- 265 YP_461625.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [신티로푸스 아시디트로피쿠스 SB] >gb|ABC77457.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [신티로푸스 아시디트로피쿠스 SB]
- 266 YP_010116.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [데솔포비브리오 불가리스 균주 헐든버러] >ref|YP_967532.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [데솔포비브리오 불가리스 DP4] >gb|AAS95375.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 균주 헐든버러] >gb|ABM29105.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 DP4] >gb|ADP85989.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 RCH1]
- 267 YP_001634449.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로플렉투스 아우란티아쿠스 J-10-fl] >ref|YP_002568642.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 종 Y-400-fl] >gb|ABY34060.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아우란티아쿠스 J-10-fl] >gb|ACM52316.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 종 Y-400-fl]
- 268 YP_004371330.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포바카 아세톡시단스 DSM 11109] >gb|AEB10149.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포바카 아세톡시단스 DSM 11109]
- 269 ZP_02432140.1 가설 단백질 CLOSCI_02385 [클로스트리디움 신티스 ATCC 35704] >gb|EDS06436.1| 가설 단백질 CLOSCI_02385 [클로스트리디움 신티스 ATCC 35704]
- 270 YP_001546377.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [헤르페토시폰 아우란티아쿠스 DSM 785] >gb|ABX06249.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [헤르페토시폰 아우란티아쿠스 DSM 785]
- 271 ZP_01995753.1 가설 단백질 DORLON_01748 [도레아 롱기카테나 DSM 13814] >gb|EDM62932.1| 가설 단백질 DORLON_01748 [도레아 롱기카테나 DSM 13814]
- 272 ZP_08602931.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_57FAA] >gb|EGN37157.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_57FAA]
- 273 YP_003409821.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오더마토피루스 오브스큐루스 DSM 43160] >gb|ADB75450.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오더마토피루스 오브스큐루스 DSM 43160]

- 274 YP_004839529.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [로세부리아 호미니스 A2-183]
>gb|AEN97597.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [로세부리아 호미니스 A2-183]
- 275 ZP_08864377.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 중 A2]
>gb|EGY27050.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 중 A2]
- 276 ZP_05733053.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [디알리스터 인비수스 DSM 15470]
>gb|EEW96489.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [디알리스터 인비수스 DSM 15470]
- 277 YP_003270118.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [할리안기움 오크라세움 DSM 14365]
>gb|ACY18225.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [할리안기움 오크라세움 DSM 14365]
- 278 YP_001717534.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칸다다투스 테슬포루디스 아우탁스비아토르 MP104C] >gb|ACA59902.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸다다투스 테슬포루디스 아우탁스비아토르 MP104C]
- 279 YP_003317021.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩마나에로비브리오 아시다미노보란스 DSM 6589] >gb|ACZ18739.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩마나에로비브리오 아시다미노보란스 DSM 6589]
- 280 NP_622165.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4] >gb|AAM23769.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4]
- 281 ZP_05346627.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시젠스 DSM 14469] >gb|EET60596.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시젠스 DSM 14469]
- 282 ZP_04451325.1 가설 단백질 GCWU000182_00609 [아비오토로피아 테펙티바 ATCC 49176] >gb|EEP26742.1| 가설 단백질 GCWU000182_00609 [아비오토로피아 테펙티바 ATCC 49176]
- 283 NP_623674.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4] >gb|AAM25278.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [썩모안아에로박터 텡코젠시스 MB4]
- 284 ZP_02037832.1 가설 단백질 BACCAP_03451 [박테로이데스 카펠로수스 ATCC 29799] >gb|EDM98649.1| 가설 단백질 BACCAP_03451 [박테로이데스 카펠로수스 ATCC 29799]
- 285 EGS35366.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 SY403409CC001050417]
- 286 ZP_05092205.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카르복시디브라키움 파시피쿰 DSM 12653] >gb|EEB75911.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카르복시디브라키움 파시피쿰 DSM 12653]
- 287 ZP_08419913.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [루미노코카세아에 박테리움 D16] >gb|EGJ46860.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [루미노코카세아에 박테리움 D16]
- 288 YP_001692807.1 ATP-의존성 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 알파 [피네폴디아 마그나 ATCC 29328] >dbj|BAG08917.1| ATP-의존성 엑소테옥시리보뉴클레아제 알파 서브유닛 [피네폴디아 마그나 ATCC 29328]
- 289 ZP_07268899.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 ACS-171-V-Col3] >gb|EFK93755.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 ACS-171-V-Col3]
- 290 ZP_06598130.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 078 균주 F0262] >gb|EFE92376.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 078 균주 F0262]

- 291 [YP_003807812.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075]
>gb|ADK85218.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075]
- 292 [ZP_02233368.1](#) 가설 단백질 DORFOR_00200 [도레아 포르미시제네란스 ATCC 27755] >gb|EDR48458.1| 가설 단백질 DORFOR_00200 [도레아 포르미시제네란스 ATCC 27755]
- 293 [ZP_02037912.1](#) 가설 단백질 BACCAP_03531 [박테로이데스 카펠로루스 ATCC 29799] >gb|EDM98729.1| 가설 단백질 BACCAP_03531 [박테로이데스 카펠로루스 ATCC 29799]
- 294 [ZP_07202886.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [델타 프로테오박테리움 NaphS2] >gb|EFK07799.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [델타 프로테오박테리움 NaphS2]
- 295 [YP_003152507.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보티이 DSM 20548] >gb|ACV28786.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보티이 DSM 20548]
- 296 [ZP_04861948.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 D 균주 1873] >gb|EES92440.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 D 균주 1873]
- 297 [ZP_07398794.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웬토니필루스 두에르테니이 ATCC BAA-1640] >gb|EFM26120.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웬토니필루스 두에르테니이 ATCC BAA-1640]
- 298 [YP_867272.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [마그네토코쿠스 중 MC-1] >gb|ABK45866.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [마그네토코쿠스 중 MC-1]
- 299 [YP_003852761.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 썬모사카로리티쿰 DSM 571] >gb|ADL69677.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 썬모사카로리티쿰 DSM 571]
- 300 [ZP_07959337.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 8_1_57FAA] >ref|ZP_08339014.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_46FAA] >ref|ZP_08618792.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_1_57FAA] >gb|EFV19583.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 8_1_57FAA] >gb|EGG82156.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_46FAA] >gb|EGN46450.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_1_57FAA]
- 301 [YP_004020312.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프란키아 중 EuI1c] >gb|ADP84442.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프란키아 중 EuI1c]
- 302 [ZP_05055731.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움 DG1235] >gb|EDY80871.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움 DG1235]
- 303 [YP_002936648.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 렉탈레 ATCC 33656] >gb|ACR74514.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 렉탈레 ATCC 33656]
- 304 [ZP_02620578.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 C 균주 에클문드] >gb|EDS78262.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 C 균주 에클문드]
- 305 [CBK80090.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [코프로코쿠스 카투스 GD/7]
- 306 [ZP_08865335.1](#) 가설 단백질 DA2_1615 [테슬포비브리오 중 A2] >gb|EGY26242.1| 가설 단백질 DA2_1615 [테슬포비브리오 중 A2]
- 307 [YP_004309919.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427] >gb|ADZ84721.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]

- 308 [YP_004471588.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 자일라놀리티쿰 LX-11] >gb|AEF17916.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 자일라놀리티쿰 LX-11]
- 309 [CBL21608.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 중 SR1/5]
- 310 [YP_003844493.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B] >ref|ZP_07631739.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B] >gb|ADL52729.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B]
- 311 [ZP_07321245.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 BVS033A4] >gb|EFL54046.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 BVS033A4]
- 312 [YP_699450.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 페르프린젠스 SM101] >gb|ABG87381.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린젠스 SM101]
- 313 [ZP_03781777.1](#) 가설 단백질 RUMHYD_01213 [블라우티아 히드로게노트로피카 DSM 10507] >gb|EEG49865.1| 가설 단백질 RUMHYD_01213 [블라우티아 히드로게노트로피카 DSM 10507]
- 314 [YP_002435820.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 불가리스 균주 '미야자키 F'] >gb|ACL08352.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 불가리스 균주 '미야자키 F']
- 315 [ZP_02042737.1](#) 가설 단백질 RUMGNA_03541 [루미노코쿠스 그나부스 ATCC 29149] >gb|EDN75918.1| 가설 단백질 RUMGNA_03541 [루미노코쿠스 그나부스 ATCC 29149]
- 316 [YP_004003526.1](#) 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 오웬센시스 OL] >gb|ADQ05726.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 오웬센시스 OL]
- 317 [ZP_04666257.1](#) 헬리카제 [클로스트리디알레스 박테리움 1_7_47_FAA] >gb|EEQ62058.1| 헬리카제 [클로스트리디알레스 박테리움 1_7_47_FAA]
- 318 [YP_004025165.1](#) 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크로노즈키엔시스 2002] >gb|ADQ47346.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크로노즈키엔시스 2002]
- 319 [YP_003937377.1](#) DNA-결합 단백질 [클로스트리디움 스틱클란다이 DSM 519] >emb|CBH22472.1| 추정 DNA-결합 단백질 [클로스트리디움 스틱클란다이]
- 320 [ZP_03777575.1](#) 가설 단백질 CLOHYLEM_04627 [클로스트리디움 힐레모나에 DSM 15053] >gb|EEG75397.1| 가설 단백질 CLOHYLEM_04627 [클로스트리디움 힐레모나에 DSM 15053]
- 321 [ZP_02089268.1](#) 가설 단백질 CLOBOL_06837 [클로스트리디움 볼테아에 ATCC BAA-613] >gb|EDP12917.1| 가설 단백질 CLOBOL_06837 [클로스트리디움 볼테아에 ATCC BAA-613]
- 322 [ZP_06946532.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [피네폴디아 마그나 ATCC 53516] >gb|EFH93297.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [피네폴디아 마그나 ATCC 53516]
- 323 [ZP_03762681.1](#) 가설 단백질 CLOSTASPAR_06723 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM 15981] >gb|EEG51243.1| 가설 단백질 CLOSTASPAR_06723 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM 15981]
- 324 [ZP_08933657.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웹토니필루스 인돌리쿠스 ATCC 29427] >gb|EGY80875.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웹토니필루스 인돌리쿠스 ATCC 29427]
- 325 [YP_003759289.1](#) UvrD/REP 헬리카제 [데할로게니모나스 리칸트로포레펜스 BL-DC-9] >gb|ADJ26968.1| UvrD/REP 헬리카제 [데할로게니모나스

- 리칸트로포레펠렌스 BL-DC-9]
- 326 ZP_02865223.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 C 균주 JGS1495] >gb|EDS79800.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 C 균주 JGS1495]
- 327 YP_002315104.1 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [아녹시바실루스 플라비썬무스 WK1] >gb|ACJ33119.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [아녹시바실루스 플라비썬무스 WK1]
- 328 YP_003820655.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1] >gb|ADL03032.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
- 329 NP_563091.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 균주 13] >ref|ZP_02639346.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 CPE 균주 F4969] >ref|ZP_02951709.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 D 균주 JGS1721] >dbj|BAB81881.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [클로스트리디움 페르프린겐스 균주 13] >gb|EDT27019.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 CPE 균주 F4969] >gb|EDT73168.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 D 균주 JGS1721]
- 330 ZP_02631593.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 E 균주 JGS1987] >gb|EDT15560.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 E 균주 JGS1987]
- 331 YP_754748.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [신티로포모난스 올페이 아종 올페이 균주 피팅겐] >gb|ABI69377.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [신티로포모난스 올페이 아종 올페이 균주 피팅겐]
- 332 YP_002574552.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칼디셀룰로시쿰토르 베스시이 DSM 6725] >gb|ACM61779.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시쿰토르 베스시이 DSM 6725]

- 333 [ZP_02641429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 NCTC 8239] >gb|EDT79540.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 NCTC 8239]
- 334 [YP_004121351.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2] >gb|ADU62605.1| ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
- 335 [EGC82456.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보타이 ACS-065-V-Col13]
- 336 [YP_004199699.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [게오박터 중 M18] >gb|ADW14423.1| ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [게오박터 중 M18]
- 337 [ZP_08616225.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_4_56FAA] >gb|EGN37403.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_4_56FAA]
- 338 [ZP_06113685.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479] >gb|EFC99908.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
- 339 [ZP_03799911.1](#) 가설 단백질 COPCOM_02174 [코프로코쿠스 코메스 ATCC 27758] >gb|EEG89195.1| 가설 단백질 COPCOM_02174 [코프로코쿠스 코메스 ATCC 27758]
- 340 [YP_003841513.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시룸토르 오브시디안시스 OB47] >gb|ADL43527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시룸토르 오브시디안시스 OB47]
- 341 [YP_004464342.1](#) RecD/TraA 패밀리 ATP-의존성 DNA 헬리카제 [마헬라 아우스트랄리엔시스 50-1 BON] >gb|AEE97520.1| ATP-의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [마헬라 아우스트랄리엔시스 50-1 BON]
- 342 [YP_696854.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 페르프린겐스 ATCC 13124] >ref|ZP_02635730.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 B 균주 ATCC 3626] >gb|ABG84528.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 ATCC 13124] >gb|EDT23956.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 B 균주 ATCC 3626]
- 343 [ZP_03167580.1](#) 가설 단백질 RUM_LAC_01253 [루미노코쿠스 락타리스 ATCC 29176] >gb|EDY32968.1| 가설 단백질 RUM_LAC_01253 [루미노코쿠스 락타리스 ATCC 29176]
- 344 [YP_847893.1](#) 가설 단백질 Sfum_3789 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB] >gb|ABK19458.1| 가설 단백질 Sfum_3789 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB]
- 345 [ZP_05430222.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 2360] >ref|ZP_06249816.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 JW20] >gb|EEU00921.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 2360] >gb|EFB38140.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 JW20] >gb|ADU75902.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 1313]
- 346 [ZP_02211142.1](#) 가설 단백질 CLOBAR_00740 [클로스트리디움 바르틀레티 DSM 16795] >gb|EDQ97464.1| 가설 단백질 CLOBAR_00740 [클로스트리디움 바르틀레티 DSM 16795]
- 347 [YP_388414.2](#) UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20] >gb|ABB38719.2| UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 348 [YP_003807790.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬파르클루스 바아르시 DSM 2075] >gb|ADK85196.1| ATP-의존성 RecD/TraA

- 349 YP_003993640.1 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬라르클루스 바아르시이 DSM 2075]
헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 히드로썬말리스 108]
>gb|ADQ08271.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르
히드로썬말리스 108]
- 350 YP_001038644.1 ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [클로스트리디움
썬모셀룸 ATCC 27405] >gb|ABN53451.1| 헬리카제, RecD/TraA
패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405]
- 351 ZP_06597516.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 078 균주
F0262] >gb|EFE93013.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움
중 오랄 탁손 078 균주 F0262]
- 352 YP_004799933.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 락토아세티쿠스
6A] >gb|AEM74956.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시움토르 락토아세티쿠스 6A]
- 353 YP_001179036.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칼디셀룰로시움토르 사카로리티쿠스
DSM 8903] >gb|ABP65845.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시움토르 사카로리티쿠스 DSM 8903]
- 354 ZP_03759537.1 가설 단백질 CLOSTASPAR_03561 [클로스트리디움
아스파라기포르메 DSM 15981] >gb|EEG54369.1| 가설 단백질
CLOSTASPAR_03561 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM
15981]
- 355 ZP_04564978.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 V 알파 [몰리큐테스 박테리움
D7] >gb|EEO32408.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 V 알파
[코프로마실루스 중 D7]
- 356 YP_001557372.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 피토펬르멘탄스 ISDg]
>gb|ABX40633.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움
피토펬르멘탄스 ISDg]
- 357 ZP_02094462.1 가설 단백질 PEPMIC_01228 [파르비모나스 미크라 ATCC 33270]
>gb|EDP23424.1| 가설 단백질 PEPMIC_01228 [파르비모나스 미크라
ATCC 33270]
- 358 ZP_02428906.1 가설 단백질 CLORAM_02328 [클로스트리디움 라모숨 DSM 1402]
>gb|EDS17533.1| 가설 단백질 CLORAM_02328 [클로스트리디움
라모숨 DSM 1402]
- 359 ZP_07367500.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [페디오코쿠스
아시디락티시 DSM 20284] >gb|EFL96568.1|
엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [페디오코쿠스
아시디락티시 DSM 20284]
- 360 YP_004027603.1 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크리스티안소나이
177R1B] >gb|ADQ41990.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시움토르 크리스티안소나이 177R1B]
- 361 ZP_02420394.1 가설 단백질 ANACAC_03011 [아나에로스티페스 카카에 DSM 14662]
>ref|ZP_07931518.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아나에로스티페스
중 3_2_56FAA] >gb|EDR96388.1| 가설 단백질 ANACAC_03011
[아나에로스티페스 카카에 DSM 14662] >gb|EFV22263.1| RecD/TraA
패밀리 헬리카제 [아나에로스티페스 중 3_2_56FAA]
- 362 ZP_08707741.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베일로넬라 중 오랄 탁손 780 균주
F0422] >gb|EGS33427.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베일로넬라 중
오랄 탁손 780 균주 F0422]
- 363 ZP_08532372.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼달칼리바실루스 썬마름 TA2.A1]
>gb|EGL83511.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼달칼리바실루스
썬마름 TA2.A1]
- 364 YP_003119362.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테눌리스포라 아시디필라 DSM
44928] >gb|ACU77521.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[카테눌리스포라 아시디필라 DSM 44928]

- 365 YP_001821497.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [오피투투스 테라에 PB90-1]
>gb|ACB77897.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오피투투스 테라에 PB90-1]
- 366 YP_003427313.1 ATP-의존성 엑소 DNAse V [바실루스 슈도피르무스 OF4]
>gb|ADC50421.1| ATP-의존성 엑소 DNAse V [바실루스 슈도피르무스 OF4]
- 367 ZP_07036639.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 중 오랄 탁손 386 균주 F0131]>gb|EFI41783.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 중 오랄 탁손 386 균주 F0131]
- 368 YP_004091069.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [에타놀리게넨스 하르비넨세 YUAN-3]
>gb|ADU26338.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [에타놀리게넨스 하르비넨세 YUAN-3]
- 369 ZP_06197663.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [페디오코쿠스 아시디락티시 7_4]
>gb|EFA26123.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [페디오코쿠스 아시디락티시 7_4]
- 370 ZP_06409626.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
>gb|EFD00750.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
- 371 ZP_08339411.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 2_1_46FAA]>gb|EGG82685.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 2_1_46FAA]
- 372 YP_004883288.1 추정 뉴클레아제 [오실리박터 발레리시게네스 Sjm18-20]
>dbj|BAL00783.1| 추정 뉴클레아제 [오실리박터 발레리시게네스 Sjm18-20]
- 373 YP_004396914.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보톨리눔 BKT015925]
>gb|AEB76917.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 BKT015925]
- 374 YP_002950456.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 WCH70]
>gb|ACS25190.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 WCH70]
- 375 YP_387402.1 UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
>gb|ABB37707.1| UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 376 YP_002771377.1 가설 단백질 BBR47_18960 [브레비바실루스 브레비스 NBRC 100599]
>dbj|BAH42873.1| 보존된 가설 단백질 [브레비바실루스 브레비스 NBRC 100599]
- 377 ZP_01173819.1 YrrC [바실루스 중 NRRL B-14911]>gb|EAR63466.1| YrrC [바실루스 중 NRRL B-14911]
- 378 ZP_02074502.1 가설 단백질 CLOL250_01272 [클로스트리디움 중 L2-50]
>gb|EDO58134.1| 가설 단백질 CLOL250_01272 [클로스트리디움 중 L2-50]
- 379 ZP_02951515.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 5521]
>ref|ZP_04526701.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 E4 균주 BoNT E BL5262]>gb|EDT73473.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 5521]>gb|EEP55470.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 E4 균주 BoNT E BL5262]
- 380 ZP_07326697.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
>gb|EFL61996.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
- 381 ZP_08662208.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 중 오랄 탁손 056 균주 F0418]>gb|EGP66648.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 중 오랄 탁손 056 균주 F0418]

- 382 [ZP_07709630.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [바실루스 종 m3-13]
- 383 [ZP_08151018.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 4_1_37FAA] >gb|EGC74634.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 4_1_37FAA]
- 384 [ZP_05855961.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [블라우티아 한세나이 DSM 20583] >gb|EEX20129.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [블라우티아 한세나이 DSM 20583]
- 385 [ZP_08333468.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 6_1_63FAA] >gb|EGG81209.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 6_1_63FAA]
- 386 [ZP_01967327.1](#) 가설 단백질 RUMTOR_00874 [루미노코쿠스 토르쿠에스 ATCC 27756] >gb|EDK25071.1| 가설 단백질 RUMTOR_00874 [루미노코쿠스 토르쿠에스 ATCC 27756]
- 387 [ZP_07843612.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 아종 호미니스 C80] >gb|EFS18629.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 아종 호미니스 C80]
- 388 [ZP_08335292.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 9_1_43BFAA] >gb|EGG85883.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 9_1_43BFAA]
- 389 [YP_002425519.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아지디티오바실루스 페로옥시단스 ATCC 23270] >gb|ACK80668.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아지디티오바실루스 페로옥시단스 ATCC 23270]
- 390 [ZP_08074741.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [메틸로시스티스 종 ATCC 49242] >gb|EFX97601.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [메틸로시스티스 종 ATCC 49242]
- 391 [ZP_03288021.1](#) 가설 단백질 CLONEX_00200 [클로스트리디움 벡실레 DSM 1787] >gb|EEA83897.1| 가설 단백질 CLONEX_00200 [클로스트리디움 벡실레 DSM 1787]

- 392 [NP_349457.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 ATCC 824] >ref|YP_004637509.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 DSM 1731] >gb|AAK80797.1|AE007783_4 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 ATCC 824] >gb|ADZ21898.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 EA 2018] >gb|AEI34320.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 DSM 1731]
- 393 [YP_535621.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실루스 살리마리우스 UCC118] >gb|ABD99538.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실루스 살리마리우스 UCC118]
- 394 [YP_001514053.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [알칼리필루스 오렐란디이 OhILAs] >gb|ABW20057.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알칼리필루스 오렐란디이 OhILAs]
- 395 [ZP_06059658.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 종 2_1_36FAA] >gb|EEY81040.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 종 2_1_36FAA]
- 396 [ZP_04059935.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 SK119] >gb|EEK12222.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 SK119]
- 397 [AEN87514.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [바실루스 메가테리움 WSH-002]
- 398 [YP_003988429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y4.1MC1] >ref|YP_004587154.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [게오바실루스 썬모글루코시아시우스 C56-YS93] >gb|ADP73818.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y4.1MC1] >gb|AEH47073.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬모글루코시아시우스 C56-YS93]
- 399 [NP_781026.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클로스트리디움 테타니 E88] >gb|AAO34963.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클로스트리디움 테타니 E88]
- 400 [YP_004707292.1](#) 가설 단백질 CXIVA_02230 [클로스트리디움 종 SY8519] >dbj|BAK46190.1| 가설 단백질 CXIVA_02230 [클로스트리디움 종 SY8519]
- 401 [YP_003590771.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912] >gb|ADG07627.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
- 402 [ZP_03708405.1](#) 가설 단백질 CLOSTMETH_03166 [클로스트리디움 메틸펜토숨 DSM 5476] >gb|EEG29226.1| 가설 단백질 CLOSTMETH_03166 [클로스트리디움 메틸펜토숨 DSM 5476]
- 403 [ZP_07904646.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 사부레움 DSM 3986] >gb|EFU76460.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 사부레움 DSM 3986]
- 404 [ZP_08463854.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [테스모스포라 종 8437] >gb|EGK12279.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [테스모스포라 종 8437]
- 405 [YP_003339261.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021] >gb|ACZ86518.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021]
- 406 [ZP_07356412.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 종 3_1_syn3] >gb|EFL86816.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 종

- 3_1_syn3]
- 407 [YP_004310482.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]
>gb|ADZ85284.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]
- 408 [YP_003565054.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 QMB1551]
>ref|YP_003599776.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 DSM 319] >gb|ADE71620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 QMB1551] >gb|ADF41426.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 DSM 319]
- 409 [EGM50608.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리마리우스 GJ-24]
- 410 [ZP_07454758.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 유리아 아종 마르가레티아에 ATCC 43715] >gb|EFM38810.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 유리아 아종 마르가레티아에 ATCC 43715]
- 411 [CBL17987.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 종 18P13]
- 412 [ZP_03917092.1](#) 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아나에로코쿠스 락토리티쿠스 ATCC 51172] >gb|EEI85261.1| 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아나에로코쿠스 락토리티쿠스 ATCC 51172]
- 413 [ZP_08757131.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파르비모나스 종 오랄 탁손 393 균주 F0440] >gb|EGV09654.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파르비모나스 종 오랄 탁손 393 균주 F0440]
- 414 [EGL99465.1](#) recD-유사 DNA 헬리카제 YrrC [락토바실루스 살리마리우스 NIAS840]
- 415 [ZP_01725995.1](#) 가설 단백질 BB14905_09550 [바실루스 종 B14905] >gb|EAZ83487.1| 가설 단백질 BB14905_09550 [바실루스 종 B14905]
- 416 [YP_003590260.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
>gb|ADG07116.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
- 417 [ZP_07206301.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리마리우스 ACS-116-V-Col5a] >gb|EFK79981.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리마리우스 ACS-116-V-Col5a]
- 418 [YP_001680910.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠, RecD [헬리오박테리움 모데스티칼둠 Ice1] >gb|ABZ84899.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠, RecD [헬리오박테리움 모데스티칼둠 Ice1]
- 419 [YP_003821341.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
>gb|ADL03718.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
- 420 [ZP_08005791.1](#) YrrC 단백질 [바실루스 종 2_A_57_CT2] >gb|EFV77442.1| YrrC 단백질 [바실루스 종 2_A_57_CT2]
- 421 [YP_002560662.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [마크로코쿠스 카세올리티쿠스 JCSC5402] >dbj|BAH17966.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 상동체 [마크로코쿠스 카세올리티쿠스 JCSC5402]
- 422 [ZP_05028653.1](#) 가설 단백질 MC7420_1174 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420] >gb|EDX73378.1| 가설 단백질 MC7420_1174 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420]
- 423 [CCC58043.1](#) RecD-유사 DNA 헬리카제 YrrC [칼로라마토르 아우스트랄리쿠스 RC3]
- 424 [YP_001699482.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [리시니바실루스 스파에리쿠스 C3-41] >gb|ACA41352.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [리시니바실루스 스파에리쿠스 C3-41]
- 425 [ZP_02616886.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 Bf]
>ref|YP_002861039.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움

- 보툴리눔 Ba4 균주 657] >gb|EDT86566.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 Bf] >gb|ACQ54203.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 Ba4 균주 657]
- 426 [XP_001420006.1](#) 추정 단백질 [오스트레오코쿠스 루시마리누스 CCE9901] >gb|ABO98299.1| 추정 단백질 [오스트레오코쿠스 루시마리누스 CCE9901]
- 427 [YP_001779796.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 B1 균주 오크라] >gb|ACA44298.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 B1 균주 오크라]
- 428 [YP_001389532.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 F 균주 랑게란트] >gb|ABS40458.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 F 균주 랑게란트]
- 429 [ZP_02993715.1](#) 가설 단백질 CLOSPO_00789 [클로스트리디움 스포로게네스 ATCC 15579] >gb|EDU37972.1| 가설 단백질 CLOSPO_00789 [클로스트리디움 스포로게네스 ATCC 15579]
- 430 [ZP_01964108.1](#) 가설 단백질 RUMOB_E_01832 [루미노코쿠스 오베움 ATCC 29174] >gb|EDM87651.1| 가설 단백질 RUMOB_E_01832 [루미노코쿠스 오베움 ATCC 29174]
- 431 [ZP_03227028.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V [마실루스 코아후일렌시스 m4-4]
- 432 [YP_001252714.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 3502] >ref|YP_001382573.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 19397] >ref|YP_001386126.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 홀] >emb|CAL81722.1| 추정 DNA-상호작용 단백질 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 3502] >gb|ABS34000.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 19397] >gb|ABS37455.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 홀]
- 433 [YP_001307573.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 베이에린키이 NCIMB 8052] >gb|ABR32617.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 베이에린키이 NCIMB 8052]
- 434 [ZP_08091201.1](#) 가설 단백질 HMPREF9474_02952 [클로스트리디움 심비오숨 WAL-14163] >gb|EGA93217.1| 가설 단백질 HMPREF9474_02952 [클로스트리디움 심비오숨 WAL-14163]
- 435 [CBZ01987.1](#) recd-유사 DNA 헬리카제 YrrC [클로스트리디움 보툴리눔 H04402 065]
- 436 [ZP_06620580.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 산구이니스 PC909] >ref|ZP_08168271.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 종 HGF1] >gb|EFF65067.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 산구이니스 PC909] >gb|EGC91394.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 종 HGF1]
- 437 [ZP_02612165.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 NCTC 2916] >gb|EDT83351.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 NCTC 2916]
- 438 [ZP_03464124.1](#) 가설 단백질 BACPEC_03225 [박테로이테스 팩티노필루스 ATCC 43243] >gb|EEC56716.1| 가설 단백질 BACPEC_03225 [박테로이테스 팩티노필루스 ATCC 43243]
- 439 [ZP_05427870.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 사페눔 ATCC 49989] >gb|EEU03537.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 사페눔 ATCC 49989]
- 440 [ZP_04819493.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W1] >gb|EES40075.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스

- 441 [CBL16176.1](#) 에피타미디스 M23864:W1]
- 442 [CBK73489.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 브로미이 L2-63]
- 443 [XP_003081706.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [부티리비브리오 피브리솔렌스 16/4]
- 444 [XP_003081706.1](#) 데히드로게나제 키나제 (ISS) [오스트레오코쿠스 타우리]
- 445 [ZP_06425429.1](#) >emb|CAL56230.1| 데히드로게나제 키나제 (ISS) [오스트레오코쿠스 타우리]
- 446 [ZP_06425429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [Pepto 스트렙토코쿠스 아나에로비우스 653-L] >gb|EFD04662.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [Pepto 스트렙토코쿠스 아나에로비우스 653-L]
- 447 [ZP_08539226.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 108 균주 F0425] >gb|EGL37546.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 108 균주 F0425]
- 448 [ZP_04008608.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실러스 살리마리우스 ATCC 11741] >gb|EEJ74633.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실러스 살리마리우스 ATCC 11741]
- 449 [ZP_08525848.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 안지노수스 SK52] >gb|EGL43884.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 안지노수스 SK52]
- 450 [ZP_08245897.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 NCFD 2020] >gb|EGE54499.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 NCFD 2020]
- 451 [ZP_06290581.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [렙토니필루스 라크리말리스 315-B] >gb|EFA90662.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [렙토니필루스 라크리말리스 315-B]
- 452 [ZP_08680798.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스포로사르시나 뉴욕엔시스 2681] >gb|EGQ19222.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스포로사르시나 뉴욕엔시스 2681]

- 451 [YP_002802482.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A2 균주 교토] >gb|ACO83762.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A2 균주 교토]
- 452 [YP_001449573.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 고르도니이 균주 칼리스 하위균주 CH1] >gb|ABV09553.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 고르도니이 균주 칼리스 하위균주 CH1]
- 453 [ZP_01862085.1](#) 가설 단백질 BSG1_18450 [바실루스 중 SG-1] >gb|EDL62855.1| 가설 단백질 BSG1_18450 [바실루스 중 SG-1]
- 454 [YP_001785497.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A3 균주 로호 마레에] >gb|ACA54654.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A3 균주 로호 마레에]
- 455 [EFV89168.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [스타필로코쿠스 에피더미디스 FRI909]
- 456 [ZP_07956105.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_63FAA] >gb|EFV17076.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_63FAA]
- 457 [ZP_03055915.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 푸밀루스 ATCC 7061] >gb|EDW20741.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 푸밀루스 ATCC 7061]
- 458 [ZP_04797338.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 W23144] >gb|EES35980.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 W23144]
- 459 [EGS77340.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU105]
- 460 [YP_004478259.1](#) 가설 단백질 STP_0139 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 KCTC 11537] >gb|AEF24587.1| 가설 단백질 STP_0139 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 KCTC 11537]
- 461 [ZP_08605488.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_57FAA_CT1] >gb|EGN41968.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_57FAA_CT1]
- 462 [ZP_08643227.1](#) 가설 단백질 BRLA_c44940 [브레비바실루스 라테로스포르스 LMG 15441] >gb|EGP32345.1| 가설 단백질 BRLA_c44940 [브레비바실루스 라테로스포르스 LMG 15441]
- 463 [ZP_06875615.1](#) DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 ATCC 6633] >ref|YP_003867004.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 균주 W23] >gb|EFG90256.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 ATCC 6633] >gb|ADM38695.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지제니이 균주 W23]
- 464 [ZP_04678546.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 와르네리 L37603] >gb|EEQ79317.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 와르네리 L37603]
- 465 [ZP_06613101.1](#) 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W2(그레이)] >gb|EFE59825.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W2(그레이)] >gb|EGG71682.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU045] >gb|EGG73433.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU028] >gb|EGS79799.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU037]
- 466 [ZP_02441706.1](#) 가설 단백질 ANACOL_00987 [아에로트류쿠스 콜리호미니스 DSM 17241] >gb|EDS12144.1| 가설 단백질 ANACOL_00987

- 467 YP_188759.1 [아에로트룬쿠스 콜리호미니스 DSM 17241] RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 에피테미디스 RP62A] >ref|ZP_04825499.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피테미디스 BCM-HMP0060] >ref|ZP_06284822.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 SK135] >gb|AAW54556.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 RP62A] >gb|EES58101.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피테미디스 BCM-HMP0060] >gb|EFA87507.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 SK135] >gb|EGS80972.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 VCU107]
- 468 ZP_02440294.1 가설 단백질 CLOSS21_02797 [클로스트리디움 종 SS2/1] >gb|EDS20344.1| 가설 단백질 CLOSS21_02797 [클로스트리디움 종 SS2/1]
- 469 YP_001919909.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E3 균주 알라스카 E43] >gb|ACD51527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E3 균주 알라스카 E43]
- 470 YP_001884722.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 B 균주 에클룬드 17B] >gb|ACD22772.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 B 균주 에클룬드 17B]
- 471 ZP_02039032.1 가설 단백질 BACCAP_04681 [박테로이데스 카필로수스 ATCC 29799] >gb|EDM97537.1| 가설 단백질 BACCAP_04681 [박테로이데스 카필로수스 ATCC 29799]
- 472 ZP_07093704.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 타손 836 균주 F0141] >gb|EFK39645.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 타손 836 균주 F0141]
- 473 YP_001487615.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [바실루스 푸밀루스 SAFR-032] >gb|ABV63055.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [바실루스 푸밀루스 SAFR-032]
- 474 NP_764857.1 테옥시리보뉴클레아제 [스타필로코쿠스 에피테미디스 ATCC 12228] >gb|AAO04901.1|AE016748_135 테옥시리보뉴클레아제 [스타필로코쿠스 에피테미디스 ATCC 12228]
- 475 YP_804665.1 ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [페디오코쿠스 펜토사세우스 ATCC 25745] >gb|ABJ68223.1| ATP-의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [페디오코쿠스 펜토사세우스 ATCC 25745]
- 476 NP_942288.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [지네코시스티스 종 PCC 6803] >dbj|BAD02008.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [지네코시스티스 종 PCC 6803]
- 477 ZP_07054718.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [리스테리아 그레이이 DSM 20601] >gb|EFI83599.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [리스테리아 그레이이 DSM 20601]
- 478 EHA31059.1 가설 단백질 BSSC8_15020 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 SC-8]
- 479 CBL39055.1 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [부티레이트-생산 박테리움 SSC/2]
- 480 EGF05416.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1057]
- 481 YP_003974155.1 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 아트로파에우스 1942] >gb|ADP33224.1| DNA/RNA 헬리카제 모티프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 아트로파에우스 1942]
- 482 ZP_07822731.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 하레이 ACS-146-V-

- Sch2b] >gb|EFR32349.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 하레이 ACS-146-V-Sch2b]
- 483 [ZP_06348052.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 M62/1] >gb|EFE10725.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 M62/1]
- 484 [ZP_05394746.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 카르복시디보란스 P7] >gb|EET84798.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 카르복시디보란스 P7]
- 485 [YP_004204562.1](#) 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 BSn5] >dbj|BAI86231.1| 가설 단백질 BSNT_03990 [바실루스 서브틸리스 아종 나토 BEST195] >gb|ADV93535.1| DNA/RNA 헬리카제 모티프 단백질을 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 BSn5] >gb|AEP91738.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 RO-NN-1]
- 486 [EGG96535.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU121]
- 487 [YP_003471518.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 HKU09-01] >gb|ADC87391.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 HKU09-01] >emb|CCB53777.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 N920143]
- 488 [ZP_04820712.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E1 균주 'BoNT E 벨루가'] >gb|EES47997.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E1 균주 'BoNT E 벨루가']
- 489 [EGF05816.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1] >gb|EGF22450.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1058]
- 490 [YP_002634323.1](#) 가설 단백질 Sca_1231 [스타필로코쿠스 카르노수스 아종 카르노수스 TM300] >emb|CAL28138.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 카르노수스 아종 카르노수스 TM300]
- 491 [YP_301232.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 사프로피티쿠스 아종 사프로피티쿠스 ATCC 15305] >dbj|BAE18287.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 사프로피티쿠스 아종 사프로피티쿠스 ATCC 15305]
- 492 [ZP_07841151.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 카프라에 C87] >gb|EFS17693.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 카프라에 C87]
- 493 [NP_846841.1](#) 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 아메스] >ref|YP_021271.2| 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 '아메스 안세스터'] >gb|AAP28327.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 아메스] >gb|AAT33746.2| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 '아메스 안세스터']
- 494 [NP_390625.1](#) DNA/RNA 헬리카제 모티프를 갖는 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168] >ref|ZP_03592533.1| 가설 단백질 Bsubs1_15016 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168] >ref|ZP_03596814.1| 가설 단백질 BsubsN3_14932 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 NCIB 3610] >ref|ZP_03601224.1| 가설 단백질 BsubsJ_14843 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 JH642] >ref|ZP_03605505.1| 가설 단백질 BsubsS_14987 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 SMY] >sp|O34481.1|YRRC_BACSU Rec 명칭: 전체=비특성화 단백질 yrrC >emb|CAB14689.1| DNA/RNA 헬리카제 모티프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168]

- 495 ZP_07910981.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 M23590]
>gb|EFU84761.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 M23590]
- 496 YP_001727916.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [류코노스톡 시트레움 KM20]
>gb|ACA82472.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [류코노스톡 시트레움 KM20]
- 497 YP_030537.1 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 스텐] >ref|ZP_00394720.1| COG0507: ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [바실루스 안트라시스 균주 A2012] >ref|ZP_02217379.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0488] >ref|ZP_02394786.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0442] >ref|ZP_02396866.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0193] >ref|ZP_02880816.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0465] >ref|ZP_02899808.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0389] >ref|ZP_02935465.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0174] >ref|ZP_03019946.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 치안코브스키이-I] >ref|YP_002817182.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CDC 684] >ref|YP_002868681.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0248] >ref|ZP_05148010.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CNEVA-9066] >ref|ZP_05194203.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 웨스턴 노스 아메리카 USA6153] >ref|ZP_05199222.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 크루거 B] >ref|ZP_05203403.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 볼룸] >ref|ZP_05209725.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 오스트레일리아 94] >gb|AAT56588.1| 헬리카제, 추정 [바실루스 안트라시스 균주 스텐] >gb|EDR17076.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0488] >gb|EDR88808.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0193] >gb|EDR90879.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0442] >gb|EDS94612.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0389] >gb|EDT17185.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0465] >gb|EDT66567.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0174] >gb|EDV15990.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 치안코브스키이-I] >gb|ACP15012.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CDC 684] >gb|ACQ48807.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0248]
- 498 ZP_04291295.1 헬리카제, RecD/TraA [바실루스 세레우스 R309803] >gb|EEK76998.1| 헬리카제, RecD/TraA [바실루스 세레우스 R309803]
- 499 YP_002751754.1 추정 헬리카제 [바실루스 세레우스 03BB102] >gb|ACO31219.1| 추정 헬리카제 [바실루스 세레우스 03BB102]
- 500 ZP_08091585.1 가설 단백질 HMPREF9474_03336 [클로스트리디움 심비오숨 WAL

표 5는 하기 표이거나

서열 번호	명칭	공급원	NCBI 참조	RecD2 Dra 에 대한 동일성 %	RecD 모티프 I (서열 번호)	RecD-유사 모티프 V (서열 번호)
18	RecD2 Ama	아카리오클로 리스 마리나	NCBI 참조 서열: YP_001521445.1	29.8	GGPGTGKT (19)	WAVTIHK SQG (20)
21	RecD2 Dde	데이노코쿠스 데세르티	NCBI 참조 서열: YP_002786343.1	12.3	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
24	RecD2 Dge	데이노코쿠스 게오썸말리스	NCBI 참조 서열: YP_604297.1	79	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
25	RecD2 Hoc	할리안기움 오크라세움 DSM	NCBI 참조 서열: YP_003270118.1	30	GGPGVGKT (26)	YAISVHK SQG (27)
28	RecD2 Nth	나트라나에로 비우스 썬모필루스	NCBI 참조 서열: YP_001918465.1	28.6	GGPGTGKT (19)	YCISVHK SQG (29)
30	RecD2 Oan	옥타데카박터 안타르크티쿠 스	NCBI 참조 서열: ZP_05054956.1	31	GGPGVGKT (26)	YAATIHK SQG (31)
32	RecD2 Str	살리니스포라 트로피카	NCBI 참조 서열: YP_001157093.1	31.7	GGPGCGKS (33)	YAMTIHR SQG (34)
35	RecD2 Dth	테슬폰아트로 노스피라 디오디스류탄 스	NCBI 참조 서열: ZP_07015918.1	27.6	GGPGTGKS (22)	YAVSIHK SQG (36)
37	RecD2 Nha	니트로소코쿠 스 할로필루스	NCBI 참조 서열: YP_003528424.1	29.8	GGPGVGKT (26)	YATSVHK SQG (38)
39	RecD2 Dre	테슬포할로비 움 레트바엔세	NCBI 참조 서열: YP_003197384.1	32	GGPGTGKT (19)	YAVSVHK SQG (40)
41	RecD2 Dra	데이노코쿠스 라디이두란스	NCBI 참조 서열: NP_295625.1	-	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
42	RecD2 Cch	클로로비움 클로로코르마 티	NCBI 참조 서열: YP_379155.1	30.8	GGPGVGKT (26)	YATSIHKS QG (43)
44	RecD2 Dma	데이노코쿠스 마리코펜시스	NCBI 참조 서열: YP_004170918.1	67	GGPGTGKS (22)	YALTVHR GQG (45)

TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제이거나,

RecD가

- 아미노산 모티프 X1-X2-X3-G-X4-X5-X6-X7 (서열 8) (여기서 X1은 G, S 또는 A이고, X2는 임의의 아미노산이고, X3은 P, A, S 또는 G이고, X4는 T, A, V, S 또는 C이고, X5는 G 또는 A이고, X6은 K 또는 R이고, X7은 T 또는 S임);

- 아미노산 모티프 X1-X2-X3-X4-X5-(X6)₃-Q-X7 (서열 16) (여기서 X1은 Y, W 또는 F이고, X2는 A, T, S, M, C 또는 V이고, X3은 임의의 아미노산이고, X4는 T 또는 N이고, X5는 A, T, G, S, V 또는 I이고, X6은 임의의 아미노산이고, X7은 G임); 또는

- 둘 모두

를 포함하는 것이거나;

(e) 0.3M 내지 1.0M의 염 농도를 사용하여 수행되는 방법.

청구항 28

제27항에 있어서, 염이 KC1인 방법.

청구항 29

삭제

청구항 30

삭제

청구항 31

삭제

청구항 32

삭제

청구항 33

삭제

청구항 34

삭제

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

발명의 설명

기술 분야

[0001] 본 발명은 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 신규 방법에 관한 것이다. 이러한 방법은 기공 및 RecD 헬리카제를 사용한다. 헬리카제는 기공을 통한 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어한다.

배경 기술

[0002] 현재, 광범위한 용도에 걸쳐 신속하고 저렴한 폴리뉴클레오티드 (예를 들어, DNA 또는 RNA) 서열분석 및 확인 기술에 대한 필요성이 존재한다. 기존의 기술은 느리고 고가인데, 이는 주로 이들이 대량의 폴리뉴클레오티드를 생산하기 위한 증폭 기술에 의존하고, 신호 검출을 위해 다량의 전문 형광 화학물질을 필요로 하기 때문이다.

[0003] 막횡단 기공 (나노기공)은 중합체 및 다양한 소분자에 대한 직접적인 전기 바이오센서로서 큰 잠재력을 갖는다. 특히, 최근에는 잠재적인 DNA 서열분석 기술로서의 나노기공에 초점이 맞춰져 왔다.

[0004] 나노기공을 가로지르는 전위가 인가되면, 분석물, 예컨대 뉴클레오티드가 특정 기간 동안 일시적으로 배럴 내에 체류할 때 전류 흐름에 변화가 발생한다. 뉴클레오티드의 나노기공 검출은 공지된 서명 및 지속기간의 전류 변화를 제공한다. "가닥 서열분석" 방법에서는, 단일 폴리뉴클레오티드 가닥이 기공을 통과하고, 뉴클레오티드의 정체는 유도된다. 가닥 서열분석은 기공을 통한 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어하는 뉴클레오티드 취급 단백질의 사용을 포함할 수 있다.

발명의 내용

- [0005] 발명의 개요
- [0006] 본 발명자들은 RecD 헬리카제가, 특히 전위, 예컨대 전압이 인가되는 경우에, 기공을 통한 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어할 수 있다는 것을 입증하였다. 헬리카제는 인가된 전압으로부터 생성되는 전계에 대하여 또는 이와 함께 표적 폴리뉴클레오티드를 제어된 단계적 방식으로 이동시킬 수 있다. 놀랍게도, 헬리카제는 폴리뉴클레오티드를 특성화하는데, 특히 가닥 서열분석을 사용하여 그의 서열을 결정하는데 유리한 높은 염 농도에서 기능할 수 있다. 이것은 하기에서 보다 상세하게 논의한다.
- [0007] 따라서, 본 발명은
- [0008] (a) 표적 폴리뉴클레오티드를 막횡단 기공 및 RecD 헬리카제와 접촉시켜, 표적 폴리뉴클레오티드가 기공을 통해 이동하고 RecD 헬리카제가 기공을 통한 표적 뉴클레오티드의 이동을 제어하도록 하는 단계; 및
- [0009] (b) 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때, 표적 뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 나타내는 하나 이상의 측정을 수행함으로써 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 단계
- [0010] 를 포함하는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 방법을 제공한다.
- [0011] 본 발명은 또한
- [0012] - 기공과 RecD 헬리카제 사이에 복합체를 형성함으로써 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 센서를 형성하는 것을 포함하는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 센서를 형성하는 방법;
- [0013] - 기공을 통한 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어하기 위한 RecD 헬리카제의 용도;
- [0014] - (a) 기공 및 (b) RecD 헬리카제를 포함하는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 키트; 및
- [0015] - 다수의 기공 및 다수의 RecD 헬리카제를 포함하는, 샘플 내의 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 분석 장치;
- [0016] - (a) 표적 폴리뉴클레오티드를 RecD 헬리카제와 접촉시켜, RecD 헬리카제가 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어하도록 하는 단계; 및
- [0017] (b) RecD 헬리카제가 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어할 때, 표적 뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 나타내는 하나 이상의 측정을 수행함으로써 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 단계
- [0018] 를 포함하는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 방법;
- [0019] - 폴리뉴클레오티드의 특성화 동안 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어하기 위한 RecD 헬리카제의 용도;
- [0020] - 폴리뉴클레오티드의 일부 또는 전부의 서열분석 동안 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어하기 위한 RecD 헬리카제의 용도;
- [0021] - RecD 헬리카제를 포함하는 것을 특징으로 하는, 샘플 내의 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 분석 장치; 및
- [0022] - (a) 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 분석 장치 및 (b) RecD 헬리카제를 포함하는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 키트를 제공한다.

도면의 간단한 설명

- [0023] 도 1. a) 나노기공을 통한 DNA 이동을 제어하기 위한 헬리카제 용도의 예시적인 개략도. 콜레스테롤-태그를 함유하는 프라이머가 어닐링되어 있는 ssDNA 기질을 이중층의 시스 측에 부가한다. 콜레스테롤 태그는 이중층에 결합하여, 이중층 표면에서 기질을 풍부화시킨다. 시스 구획에 부가된 헬리카제는 DNA에 결합한다. 2가 금속 이온 및 NTP 기질의 존재 하에, 헬리카제는 DNA를 따라 이동한다. 인가된 전압 하에, DNA 기질은 나노기공에 의해 포획된다. DNA에 결합된 헬리카제가 기공의 상부와 접촉할 때까지, 인가된 전위의 힘 하에 DNA가 기공을 통해 잡아당겨짐으로써 추가의 제어되지 않은 DNA 전위를 방지한다. 이후, 헬리카제는 제어된 방식으로 나노기공을 통한 DNA의 이동을 진행시킨다.

개략도는 DNA를 나노기공에 도입하는 2가지 가능한 방법을 보여준다: 한 방식 (상부 섹션)에서는 헬리카제는 포

획된 DNA를 인가된 전계의 방향으로 나노기공 내로 이동시키고, 다른 방식 (하부 섹션)에서는 헬리카제가 포획된 DNA를 인가된 전계의 방향에 대항하여 나노기공 외부로 잡아당긴다. 인가된 전계와 함께 이동하는 경우, DNA는 막의 트랜스 측으로 이동한다. 상부 및 하부 섹션 둘 다에서 트랜스 측 상의 화살표는 DNA의 운동 방향을 나타내고 시스 측 상의 화살표는 DNA에 대한 헬리카제의 운동 방향을 나타낸다. 전계에 대항하여 이동하는 경우, DNA는 막의 시스 측으로 다시 이동하고, 헬리카제가 해리되지 않으면 DNA는 완전히 시스 측으로 전위될 수 있다. 기질 설계, 예컨대 적합한 리더의 사용을 통해, 하나의 방법 또는 둘 다의 방법을 동시에 사용할 수 있다. 헬리카제의 RecD 패밀리는 DNA를 따라 5'-3' 방향으로 이동한다. 따라서, 전계와 함께 DNA를 이동시키는 것은 DNA의 5' 하류 포획을 필요로 하고, 전계에 대항하여 DNA를 이동시키는 것은 3' 하류 DNA 포획을 필요로 한다. b) 실시예에 사용된 DNA 기질 설계.

도 2. 헬리카제는 제어된 방식으로 나노기공을 통해 DNA를 이동시킴으로써, DNA가 나노기공 (MspA-(B2)8)을 통해 이동할 때 전류에서의 단계적 변화를 생성시킬 수 있다. 헬리카제-DNA 사건 예 (140 mV, 400 mM NaCl, 10 mM Hepes, pH 8.0, 0.60 nM 400량체 DNA (서열 172, 173 및 174), 100 nM TraI Eco (서열 61), 1 mM DTT, 1 mM ATP, 1 mM MgCl₂). 상부) TraI 400량체 DNA 사건의 전류 대 시간 획득의 섹션. 개방-기공 전류는 ~100 pA이다. DNA는 인가된 전위 (+140 mV)의 힘 하에 나노기공에 의해 포획된다. 효소가 부착된 DNA는 긴 차단을 생성하고 (상기 조건 하에 ~25 pA에서), 이는 효소가 기공을 통해 DNA를 이동시킬 때의 전류에서의 단계적 변화를 나타낸다. 중간부) DNA-효소 포획 및 DNA를 기공을 통해 잡아당길 때의 전류에서의 단계적 변화를 나타내는, 헬리카제-제어된 DNA 사건 중 하나의 확대. 하부) DNA가 나노기공을 통해 이동할 때의 전류에서의 단계적 변화의 추가 확대.

도 3. MspA-B2(8) 나노기공을 통한 TraI Eco (서열 61) 헬리카제 제어된 400량체 DNA (400량체 DNA 서열 172, 173 및 174) 이동 사건의 추가 예. 하부) 가닥이 나노기공을 통해 이동할 때의 DNA의 다양한 섹션으로부터의 전류에서의 단계적 변화를 나타내는 사건의 섹션의 확대.

도 4. 효소 활성을 시험하기 위한 형광 검정. a) 맞춤형 형광 기질을 사용하여, 혼성화된 dsDNA를 전치시키는 헬리카제의 능력을 검정하였다. 1) 형광 기질 가닥 (50 nM 최종)은 5' ssDNA 오버행, 및 혼성화된 dsDNA의 40 개 염기 섹션을 갖는다. 상부의 주 가닥은 3' 단부에 카르복시플루오레세인 염기를 갖고, 혼성화된 상보체는 5' 단부에 블랙-홀 켄처(black-hole quencher) (BHQ-1) 염기를 갖는다. 혼성화되었을 때, 플루오레세인으로 부터의 형광은 국부 BHQ-1에 의해 켄칭되고, 기질은 본질적으로 비-형광성이 된다. 형광 기질의 더 짧은 가닥에 상보적인 1 μM의 포획 가닥이 검정에 포함된다. 2) 나타낸 바와 같이, ATP (1 mM) 및 MgCl₂ (10 mM)의 존재 하에, 기질에 부가된 헬리카제 (100 nM)는 형광 기질의 5' 꼬리에 결합하고, 주 가닥을 따라 이동하고, 상보적 가닥을 전치시킨다. 3) BHQ-1을 갖는 상보적 가닥이 완전히 전치되면, 주 가닥 상의 플루오레세인이 형광을 발한다. 4) 과량의 포획 가닥은 상보적 DNA에 우선적으로 어닐링되어, 초기 기질의 재-어닐링 및 형광 상실을 방지한다. b) 100 mM 내지 1M의 다양한 농도의 KCl을 함유하는 완충 용액 (RecD Nth 및 Dth 서열 28 및 35, 100 mM Hepes pH 8.0, 1 mM ATP, 10 mM MgCl₂, 50 nM 형광 기질 DNA, 1 μM 포획 DNA)에서의 RecD 헬리카제 활성의 초기 비율의 그래프.

도 5. 다양한 TraI 헬리카제, TrwC Cba (+140 mV, 10 mM Hepes, pH 8.0, 0.6 nM, 400량체 DNA 서열 172, 173 및 173, 100 nM TrwC Cba 서열 65, 1 mM DTT, 1 mM ATP, 1 mM MgCl₂)를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 사건의 예. 상부) TrwC Cba 400량체 DNA 사건의 전류 대 시간 획득의 섹션. 개방-기공 전류는 ~100 pA이다. DNA는 인가된 전위 (+140 mV)의 힘 하에 나노기공에 의해 포획된다. 효소가 부착된 DNA는 긴 차단을 생성하고 (상기 조건 하에 ~25 pA에서), 이는 효소가 기공을 통해 DNA를 이동시킬 때의 전류에서의 단계적 변화를 나타낸다. 하부) 하부 트레이스는 DNA를 기공을 통해 잡아당길 때의 단계적 서열 의존성 전류 변화를 나타내는 DNA 사건의 확대된 섹션을 나타낸다.

도 6. TrwC (Atr) (서열 144) 헬리카제를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 이동을 나타내는 전류 트레이스의 예.

도 7. TrwC (Sal) (서열 140) 헬리카제를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 이동을 나타내는 전류 트레이스의 예.

도 8. TrwC (Ccr) (서열 136) 헬리카제를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 이동을 나타내는 전류 트레이스의 예.

도 9. TrwC (Eco) (서열 74) 헬리카제를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 이동을 나타내는 전류 트레이스의 예.

도 10. TrwC (Oma) (서열 106) 헬리카제를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 이동을 나타내는 전류 트레이스의 예.

도 11. TrwC (Afe) (서열 86) 헬리카제를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 이동을 나타내는 전류 트레이스의 예.

하부 트레이스는 헬리카제 제어된 DNA 이동의 확장된 영역을 나타낸다.

도 12. TrwC (Mph) (서열 94) 헬리카제를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 이동을 나타내는 전류 트레이스의 예. 하부 트레이스는 헬리카제 제어된 DNA 이동의 확장된 영역을 나타낸다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0024] 서열 목록의 설명
- [0025] 서열 1은 MS-B1 돌연변이체 MspA 단량체를 코딩하는 코돈 최적화된 폴리뉴클레오티드 서열을 나타낸다. 상기 돌연변이체는 신호 서열이 결여되고, 하기 돌연변이: D90N, D91N, D93N, D118R, D134R 및 E139K를 포함한다.
- [0026] 서열 2는 MspA 단량체의 MS-B1 돌연변이체의 성숙 형태의 아미노산 서열을 나타낸다. 상기 돌연변이체는 신호 서열이 결여되고, 하기 돌연변이: D90N, D91N, D93N, D118R, D134R 및 E139K를 포함한다.
- [0027] 서열 3은 α -용혈소-E111N/K147N (α -HL-NN; 문헌 [Stoddart et al., PNAS, 2009; 106(19): 7702-7707])의 하나의 서브유닛을 코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열을 나타낸다.
- [0028] 서열 4는 α -HL-NN의 하나의 서브유닛의 아미노산 서열을 나타낸다.
- [0029] 서열 5 내지 7은 MspB, C 및 D의 아미노산 서열을 나타낸다.
- [0030] 서열 8은 RecD-유사 모티프 I의 서열을 나타낸다.
- [0031] 서열 9, 10 및 11은 연장된 RecD-유사 모티프 I의 서열을 나타낸다.
- [0032] 서열 12는 RecD 모티프 I의 서열을 나타낸다.
- [0033] 서열 13, 14 및 15는 연장된 RecD 모티프 I의 서열을 나타낸다.
- [0034] 서열 16은 RecD-유사 모티프 V의 서열을 나타낸다.
- [0035] 서열 17은 RecD 모티프 V의 서열을 나타낸다.
- [0036] 서열 18 내지 45는 표 5에서의 RecD 헬리카제의 아미노산 서열을 나타낸다.
- [0037] 서열 46 내지 53은 MobF 모티프 III의 서열을 나타낸다.
- [0038] 서열 54 내지 60은 MobQ 모티프 III의 서열을 나타낸다.
- [0039] 서열 61 내지 171은 표 7에 나타난 TraI 헬리카제 및 TraI 하위군 헬리카제의 아미노산 서열을 나타낸다.
- [0040] 서열 172 내지 182는 실시예에 사용된 서열을 나타낸다.
- [0041] 발명의 상세한 설명
- [0042] 개시된 생성물 및 방법의 다양한 적용은 당업계의 특정한 요구에 맞추어 질 수 있다는 것이 이해되어야 한다. 본원에 사용된 용어는 본 발명의 특정한 실시양태를 설명하는 목적만을 위한 것이며, 제한할 의도가 없다는 것이 또한 이해되어야 한다.
- [0043] 또한, 본 명세서 및 첨부된 특허청구범위에서 사용되는 경우에, 단수 형태는 문맥이 명확하게 달리 지시하지 않는 한 복수 지시대상을 포함한다. 따라서, 예를 들어 "기공"에 대한 언급은 2개 이상의 이러한 기공을 포함하고, "헬리카제"에 대한 언급은 2개 이상의 이러한 헬리카제를 포함하며, "폴리뉴클레오티드"에 대한 언급은 2개 이상의 이러한 폴리뉴클레오티드를 포함하는 것 등이다.
- [0044] 본원에 인용된 모든 간행물, 특허 및 특허 출원은, 상기한 것이든 하기한 것이든 관계없이, 그 전문이 본원에 참고로 포함된다.
- [0045] 본 발명의 방법
- [0046] 본 발명은 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 방법을 제공한다. 이러한 방법은 표적 폴리뉴클레오티드를 막 횡단 기공 및 RecD 헬리카제와 접촉시켜, 표적 폴리뉴클레오티드가 기공을 통해 이동하고 RecD 헬리카제가 기공을 통한 표적 뉴클레오티드의 이동을 제어하도록 하는 것을 포함한다. 이어서, 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때, 표적 폴리뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 당업계에 공지된 표준 방법을 사용하여 측정한다. 표적 폴리뉴클레오티드의 하나 이상의 특징은 바람직하게는 폴리뉴클레오티드가 기공을 통해 이동할 때 측정한다.

다. 단계 (a) 및 (b)는 바람직하게는 기공을 가로지르는 전위를 인가하면서 수행한다. 하기에서 보다 상세하게 논의되는 바와 같이, 인가된 전위는 전형적으로 기공과 헬리카제 사이에 복합체를 형성시킨다. 인가된 전위는 전압 전위일 수 있다. 대안적으로, 인가된 전위는 화학 전위일 수 있다. 그의 예는 친양쪽성 층을 가로지르는 염 구배를 사용하는 것이다. 염 구배는 문헌 [Holden et al., J Am Chem Soc. 2007 Jul 11;129(27):8650-5]에 개시되어 있다.

[0047] 일부 경우에는, 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때 기공을 통과하는 전류를 사용하여 표적 폴리뉴클레오티드의 서열을 결정한다. 이것이 가닥 서열분석이다.

[0048] 상기 방법은 여러 이점이 있다. 첫째, 놀랍게도 본 발명자들은 RecD 헬리카제가 놀랍게도 높은 염 내성을 갖고, 따라서 본 발명의 방법을 높은 염 농도에서 수행할 수 있다는 것을 보여주었다. 가닥 서열분석의 문맥에서, 전하 운반체, 예컨대 염은 전압 오프셋(offset)을 인가하여 표적 폴리뉴클레오티드를 포획하고 전위시키며 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때 생성된 서열-의존성 전류 변화를 측정하기 위한 전도성 용액을 생성 시키는데 필요하다. 측정 신호는 염의 농도에 의존적이므로, 획득되는 신호의 규모를 증가시키기 위해 높은 염 농도를 사용하는 것이 유리하다. 높은 염 농도는 높은 신호 대 노이즈 비를 제공하고, 정상적인 전류 변동의 배경값에 대비하여 뉴클레오티드의 존재를 나타내는 전류가 확인되도록 한다. 가닥 서열분석을 위해, 100 mM을 초과하는 염 농도, 예를 들어 400mM, 600mM 또는 800mM을 초과하는 염 농도가 이상적이다. 놀랍게도 본 발명자들은 RecD 헬리카제가 매우 높은 염 농도, 예컨대 예를 들어 1M에서 효과적으로 기능할 것임을 보여주었다. 본 발명은 1M, 예를 들어 2M을 초과하는 염 농도에서 효과적으로 기능하는 헬리카제를 포함한다.

[0049] 둘째, 전압이 인가될 때, 놀랍게도 RecD 헬리카제는 표적 폴리뉴클레오티드를 2가지 방향으로, 즉 인가된 전압으로부터 생성되는 전계와 함께 또는 이에 대항하여 이동시킬 수 있다. 따라서, 본 발명의 방법은 2가지 바람직한 방식 중 하나로 수행할 수 있다. 표적 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동하는 방향, 즉 전계의 방향 또는 전계에 대항하는 방향에 따라 상이한 신호가 얻어진다. 이것은 하기에서 보다 상세하게 논의한다.

[0050] 셋째, RecD 헬리카제는 전형적으로 기공을 통해 표적 폴리뉴클레오티드를 한번에 1개의 뉴클레오티드씩 이동시킨다. 따라서, RecD 헬리카제는 단일-염기 래칫(ratchet)처럼 기능할 수 있다. 이는 표적 폴리뉴클레오티드 내의 전부는 아니더라도 실질적으로 모든 뉴클레오티드가 기공을 사용하여 확인될 수 있기 때문에 표적 폴리뉴클레오티드의 서열분석 시에 당연히 유리하다.

[0051] 넷째, RecD 헬리카제는 단일 가닥 폴리뉴클레오티드 및 이중 가닥 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어할 수 있다. 이는 다양한 상이한 표적 폴리뉴클레오티드가 본 발명에 따라 특성화될 수 있다는 것을 의미한다.

[0052] 다섯째, RecD 헬리카제는 인가된 전압으로부터 생성되는 전계에 대해 매우 저항성인 것으로 보인다. 본 발명자들은 "언지핑(unzipping)" 조건 하에서는 폴리뉴클레오티드의 이동을 거의 보지 못했다. 언지핑 조건은 전형적으로 뉴클레오티드의 부재, 예를 들어 ATP의 부재 하에 존재할 것이다. 헬리카제가 언지핑 방식으로 작동할 때 그것은 표적 서열이 인가된 전압의 영향 하에 너무 빨리 기공을 통해 이동하는 것을 방지하는 브레이크와 같이 작용한다. 이는 인가된 전압으로부터 생성되는 전계에 대항하여 폴리뉴클레오티드를 이동시키는 경우 원치 않는 "역방향" 이동의 문제가 없다는 것을 의미하기 때문에 중요하다.

[0053] 여섯째, RecD 헬리카제는 생산이 용이하고, 취급이 용이하다. 따라서, 그의 사용은 간단하고 덜 고가인 서열분석 방법에 기여하였다.

[0054] 본 발명의 방법은 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 것이다. 폴리뉴클레오티드, 예컨대 핵산은 2개 이상의 뉴클레오티드를 포함하는 거대분자이다. 폴리뉴클레오티드 또는 핵산은 임의의 뉴클레오티드의 임의의 조합을 포함할 수 있다. 뉴클레오티드는 자연 발생된 것이거나 인공적인 것일 수 있다. 표적 폴리뉴클레오티드 내의 하나 이상의 뉴클레오티드는 산화 또는 메틸화될 수 있다. 표적 폴리뉴클레오티드 내의 하나 이상의 뉴클레오티드는 손상될 수 있다. 표적 폴리뉴클레오티드 내의 하나 이상의 뉴클레오티드는, 예를 들어 표지 또는 태그로 변형될 수 있다. 표적 폴리뉴클레오티드는 하나 이상의 스페이서를 포함할 수 있다.

[0055] 뉴클레오티드는 전형적으로 핵염기, 당 및 적어도 하나의 포스페이트 기를 함유한다. 핵염기는 전형적으로 헤테로시클릭이다. 핵염기는 퓨린 및 피리미딘, 보다 구체적으로 아데닌, 구아닌, 티민, 우라실 및 시토신을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 당은 전형적으로 펜토스 당이다. 뉴클레오티드 당은 리보스 및 데옥시리보스를 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 뉴클레오티드는 전형적으로 리보뉴클레오티드 또는 데옥시리보뉴클레오티드이다. 뉴클레오티드는 전형적으로 모노포스페이트, 디포스페이트 또는 트리포스페이트를 함유한다. 포스페이트는 뉴클레오티드의 5' 또는 3' 측 상에 부착될 수 있다.

- [0056] 뉴클레오타이드는 아데노신 모노포스페이트 (AMP), 구아노신 모노포스페이트 (GMP), 티미딘 모노포스페이트 (TMP), 우리딘 모노포스페이트 (UMP), 시티딘 모노포스페이트 (CMP), 시클릭 아데노신 모노포스페이트 (cAMP), 시클릭 구아노신 모노포스페이트 (cGMP), 데옥시아데노신 모노포스페이트 (dAMP), 데옥시구아노신 모노포스페이트 (dGMP), 데옥시티미딘 모노포스페이트 (dTMP), 데옥시우리딘 모노포스페이트 (dUMP) 및 데옥시시티딘 모노포스페이트 (dCMP)를 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 뉴클레오타이드는 바람직하게는 AMP, TMP, GMP, CMP, UMP, dAMP, dTMP, dGMP 또는 dCMP로부터 선택된다.
- [0057] 뉴클레오타이드는 무염기성일 수 있다 (즉, 핵염기가 결여됨).
- [0058] 폴리뉴클레오타이드는 단일 가닥 또는 이중 가닥일 수 있다. 바람직하게는, 폴리뉴클레오타이드의 적어도 일부분은 이중 가닥이다.
- [0059] 폴리뉴클레오타이드는 핵산, 예컨대 데옥시리보핵산 (DNA) 또는 리보핵산 (RNA)일 수 있다. 표적 폴리뉴클레오타이드는 1개의 DNA 가닥에 혼성화된 1개의 RNA 가닥을 포함할 수 있다. 폴리뉴클레오타이드는 당업계에 공지된 임의의 합성 핵산, 예컨대 펩티드 핵산 (PNA), 글리세롤 핵산 (GNA), 트레오스 핵산 (TNA), 잠금 핵산 (LNA), 또는 뉴클레오타이드 측쇄를 갖는 다른 합성 중합체일 수 있다.
- [0060] 상기 방법을 사용하여 표적 폴리뉴클레오타이드 전체 또는 그의 일부만을 특성화할 수 있다. 표적 폴리뉴클레오타이드는 임의의 길이일 수 있다. 예를 들어, 폴리뉴클레오타이드는 적어도 10개, 적어도 50개, 적어도 100개, 적어도 150개, 적어도 200개, 적어도 250개, 적어도 300개, 적어도 400개 또는 적어도 500개 뉴클레오타이드 쌍 길이일 수 있다. 폴리뉴클레오타이드는 1000개 이상의 뉴클레오타이드 쌍, 5000개 이상의 뉴클레오타이드 쌍 길이, 또는 100000개 이상의 뉴클레오타이드 쌍 길이일 수 있다.
- [0061] 표적 폴리뉴클레오타이드는 임의의 적합한 샘플 내에 존재한다. 본 발명은 전형적으로 표적 폴리뉴클레오타이드를 함유하는 것으로 알려져 있거나 또는 함유하는 것으로 추정되는 샘플 상에서 수행된다. 대안적으로, 본 발명은 샘플 내의 존재가 알려져 있거나 또는 예상되는 하나 이상의 표적 폴리뉴클레오타이드의 정체를 확인하기 위해 샘플 상에서 수행될 수 있다.
- [0062] 샘플은 생물학적 샘플일 수 있다. 본 발명은 임의의 유기체 또는 미생물로부터 획득되거나 또는 추출된 샘플 상에서 시험관 내 수행될 수 있다. 유기체 또는 미생물은 전형적으로 고세균, 원핵생물 또는 진핵생물이고, 전형적으로 5개 계: 식물계, 동물계, 진균계, 원핵생물계 및 원생생물계 중 하나에 속한다. 본 발명은 임의의 바이러스로부터 획득되거나 또는 추출된 샘플 상에서 시험관 내 수행될 수도 있다. 샘플은 바람직하게는 유체 샘플이다. 샘플은 전형적으로 환자의 체액을 포함한다. 샘플은 요, 림프, 타액, 점액 또는 양수일 수 있지만, 바람직하게는 혈액, 혈장 또는 혈청이다. 전형적으로, 샘플은 인간 기원이지만, 대안적으로 샘플은 또 다른 포유동물, 예컨대 말, 소, 양 또는 돼지와 같이 상업적으로 사용되는 동물로부터의 것일 수 있거나 또는 대안적으로 고양이 또는 개와 같은 애완동물로부터의 것일 수 있다. 대안적으로, 식물 기원의 샘플은 전형적으로 상업 작물, 예컨대 곡류, 콩과식물, 과일 또는 채소, 예를 들어 밀, 보리, 귀리, 카놀라, 옥수수, 대두, 벼, 바나나, 사과, 토마토, 감자, 포도, 담배, 콩, 렌틸, 사탕수수, 코코아, 목화로부터 획득된다.
- [0063] 샘플은 비-생물학적 샘플일 수 있다. 비-생물학적 샘플은 바람직하게는 유체 샘플이다. 비-생물학적 샘플의 예는 수술 유체, 물, 예컨대 음용수, 해수 또는 강수, 및 실험실 시험용 시약을 포함한다.
- [0064] 샘플은 전형적으로 검정되기 전에, 예를 들어 원심분리에 의해 또는 원치 않는 분자 또는 세포, 예컨대 적혈구를 여과해내는 막의 통과에 의해 처리된다. 샘플은 수득 직후에 측정할 수 있다. 샘플은 또한 전형적으로 검정 전에, 바람직하게는 -70℃ 미만에서 보관할 수 있다.
- [0065] 막횡단 기공은 어느 정도까지 막을 가로지르는 구조이다. 그것은 인가된 전위에 의해 구동된 이온, 예컨대 수화 이온이 막을 가로질러 유동하거나 또는 막 내부에서 유동하는 것을 허용한다. 막횡단 기공은 전형적으로 이온이 막의 한쪽으로부터 막의 다른 쪽으로 유동할 수 있도록 전체 막을 가로지른다. 그러나, 막횡단 기공이 반드시 막을 가로질러야만 하는 것은 아니다. 그것은 한쪽 끝에서 폐쇄될 수도 있다. 예를 들어, 기공은 이온이 그것을 따라 또는 그 내부로 유동할 수 있는 막 내의 우물일 수 있다.
- [0066] 임의의 막을 본 발명에 따라 사용할 수 있다. 적합한 막은 당업계에 익히 공지되어 있다. 막은 바람직하게는 친양쪽성 층이다. 친양쪽성 층은 적어도 하나의 친수성 부분 및 적어도 하나의 친지성 또는 소수성 부분을 둘 다 갖는 친양쪽성 분자, 예컨대 인지질로부터 형성된 층이다. 친양쪽성 층은 단층 또는 이중층일 수 있다. 친양쪽성 층은 전형적으로 평면 지질 이중층 또는 지지된 이중층이다.

- [0067] 친양쪽성 층은 전형적으로 지질 이중층이다. 지질 이중층은 세포막의 모델이고, 다양한 실험 연구를 위한 우수한 플랫폼으로서의 역할을 한다. 예를 들어, 지질 이중층은 단일 채널 기록에 의한 막 단백질의 시험관내 조사에 사용될 수 있다. 대안적으로, 지질 이중층은 다양한 물질의 존재를 검출하기 위한 바이오센서로서 사용될 수 있다. 지질 이중층은 임의의 지질 이중층일 수 있다. 적합한 지질 이중층은 평면 지질 이중층, 지지된 이중층 또는 리포솜을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 지질 이중층은 바람직하게는 평면 지질 이중층이다. 적합한 지질 이중층은 국제 출원 번호 PCT/GB08/000563 (WO 2008/102121로서 공개됨), 국제 출원 번호 PCT/GB08/004127 (WO 2009/077734로서 공개됨) 및 국제 출원 번호 PCT/GB2006/001057 (WO 2006/100484로서 공개됨)에 개시되어 있다.
- [0068] 지질 이중층을 형성하는 방법은 당업계에 공지되어 있다. 적합한 방법은 실시예에 개시되어 있다. 지질 이중층은 지질 단층이 수성 용액/공기 계면에 대해 수직인 개구부의 어느 한 측을 지나 계면 상에 보유되는, 몬탈(Montal) 및 뮐러(Mueller) (문헌 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA., 1972; 69: 3561-3566])의 방법에 의해 통상적으로 형성된다.
- [0069] 몬탈 & 뮐러의 방법은 단백질 기공 삽입에 적합한 우수한 품질의 지질 이중층을 형성하는 비용-효과적이고 비교적 간단한 방법이기 때문에 대중적이다. 이중층 형성의 다른 통상적인 방법은 팁-디핑(tip-dipping), 이중층 페인팅 및 리포솜 이중층의 패치-클램핑(patch-clamping)을 포함한다.
- [0070] 바람직한 실시양태에서, 지질 이중층은 국제 출원 번호 PCT/GB08/004127 (WO 2009/077734로서 공개됨)에 기재된 바와 같이 형성된다.
- [0071] 또 다른 바람직한 실시양태에서, 막은 고체 상태 층이다. 고체-상태 층은 생물학적 기원의 것이 아니다. 달리 말하면, 고체 상태 층은 생물학적 환경, 예컨대 유기체 또는 세포, 또는 생물학적으로 입수가 가능한 구조의 합성에 의해 제조된 버전으로부터 유래 또는 단리되지 않는다. 고체 상태 층은, 마이크로전자 물질, 절연 물질, 예컨대 Si_3N_4 , Al_2O_3 , 및 SiO_2 , 유기 및 무기 중합체, 예컨대 폴리아미드, 플라스틱, 예컨대 테플론(Teflon)® 또는 엘라스토머, 예컨대 2-성분 부가-경화 실리콘 고무, 및 유리를 포함하지만 이에 제한되지 않는 유기 및 무기 물질 둘 다로부터 형성될 수 있다. 고체 상태 층은 1원자 층, 예컨대 그래핀, 또는 단지 수개 원자 두께인 층으로부터 형성될 수 있다. 적합한 그래핀 층은 국제 출원 번호 PCT/US2008/010637 (WO 2009/035647로서 공개됨)에 개시되어 있다.
- [0072] 방법은 전형적으로, (i) 기공을 포함하는 인공 친양쪽성 층, (ii) 기공을 포함하는 단리된 자연-발생 지질 이중층, 또는 (iii) 그 안에 삽입된 기공을 갖는 세포를 사용하여 수행된다. 방법은 전형적으로 인공 친양쪽성 층, 예컨대 인공 지질 이중층을 사용하여 수행된다. 상기 층은 기공 이외에 다른 막형단 및/또는 막내 단백질, 뿐만 아니라 다른 분자를 포함할 수 있다. 적합한 장치 및 조건은 하기에서 논의한다. 본 발명의 방법은 전형적으로 시험관 내에서 수행된다.
- [0073] 폴리뉴클레오티드는 막에 커플링될 수 있다. 이것은 임의의 공지된 방법을 사용하여 수행될 수 있다. 막이 친양쪽성 층, 예컨대 지질 이중층 (상기에서 상세하게 논의된 바와 같은 것)인 경우에, 폴리뉴클레오티드는 바람직하게는 막 내에 존재하는 폴리펩티드 또는 막 내에 존재하는 소수성 앵커를 통해 막에 커플링된다. 소수성 앵커는 바람직하게는 지질, 지방산, 스테롤, 탄소 나노튜브 또는 아미노산이다.
- [0074] 폴리뉴클레오티드는 막에 직접적으로 커플링될 수도 있다. 폴리뉴클레오티드는 바람직하게는 링커를 통해 막에 커플링된다. 바람직한 링커는 중합체, 예컨대 폴리뉴클레오티드, 폴리에틸렌 글리콜 (PEG) 및 폴리펩티드를 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 폴리뉴클레오티드가 막에 직접적으로 커플링되는 경우에는, 막과 헬리카제 사이의 거리로 인해 특성화 실험이 폴리뉴클레오티드의 단부까지 계속될 수 없으므로 일부 데이터가 손실될 것이다. 링커가 사용되는 경우에는, 폴리뉴클레오티드가 완전히 처리될 수 있다. 링커가 사용되는 경우에, 링커는 임의의 위치에서 폴리뉴클레오티드에 부착될 수 있다. 링커는 바람직하게는 꼬리 중합체에서 폴리뉴클레오티드에 부착된다.
- [0075] 커플링은 안정적이거나 또는 일시적일 수 있다. 특정 용도에 대해, 커플링의 일시적인 특성이 바람직하다. 안정적인 커플링 분자가 폴리뉴클레오티드의 5' 또는 3' 단부에 직접적으로 부착된 경우에는, 이중층과 헬리카제의 활성 부위 사이의 거리로 인해 특성화 실험이 폴리뉴클레오티드의 단부까지 계속될 수 없으므로 일부 데이터가 손실될 것이다. 커플링이 일시적인 경우에는, 커플링된 단부가 무작위로 이중층으로부터 자유롭게 되었을 때, 폴리뉴클레오티드가 완전히 처리될 수 있다. 막과 안정적이거나 또는 일시적인 연결을 형성하는 화학적 기는 하기에서 보다 상세하게 논의한다. 폴리뉴클레오티드는 콜레스테롤 또는 지방 아실 쇄를 사용하여 친양쪽성

층, 예컨대 지질 이중층에 일시적으로 커플링될 수 있다. 6 내지 30개 탄소 원자 길이를 갖는 임의의 지방 아실쇄, 예컨대 헥사데칸산이 사용될 수 있다.

[0076] 바람직한 실시양태에서, 폴리뉴클레오티드는 친양쪽성 층에 커플링된다. 폴리뉴클레오티드를 합성 지질 이중층에 커플링시키는 것은 이전에 다양한 상이한 테더링(tethering) 전략으로 수행되어 왔다. 이들은 하기 표 1에 요약되어 있다.

[0077] 표 1

부착 기	커플링 유형	참고문헌
티올	안정적	Yoshina-Ishii, C. and S. G. Boxer (2003). "Arrays of mobile tethered vesicles on supported lipid bilayers." <i>J Am Chem Soc</i> 125 (13): 3696-7.
비오틴	안정적	Nikolov, V., R. Lipowsky, et al. (2007). "Behavior of giant vesicles with anchored DNA molecules." <i>Biophys J</i> 92 (12): 4356-68
콜레스테롤	일시적	Pfeiffer, I. and F. Hook (2004). "Bivalent cholesterol-based coupling of oligonucleotides to lipid membrane assemblies." <i>J Am Chem Soc</i> 126 (33): 10224-5
지질	안정적	van Lengerich, B., R. J. Rawle, et al. "Covalent attachment of lipid vesicles to a fluid-supported bilayer allows observation of DNA-mediated vesicle interactions." <i>Langmuir</i> 26 (11): 8666-72

[0078]

[0079] 폴리뉴클레오티드는 합성 반응에서 반응성 기, 예컨대 티올, 콜레스테롤, 지질 및 비오틴 기의 부가에 대해 용이하게 상용성인 변형된 포스포르아미다이트를 사용하여 관능화될 수 있다. 상이한 이들 부착 화학물질은 폴리뉴클레오티드에 대한 한 별의 부착 옵션을 제공한다. 각각의 상이한 변형 기는 폴리뉴클레오티드를 약간씩 상이한 방식으로 테더링시키고, 커플링은 항상 영구적인 것은 아니어서, 이중층에 대한 폴리뉴클레오티드의 상이한 체류 시간을 제공한다. 일시적인 커플링의 이점은 상기에 논의되어 있다.

[0080]

반응성 기가 폴리뉴클레오티드에 부가될 수 있는 한, 폴리뉴클레오티드의 커플링은 다수의 다른 수단에 의해 달성될 수도 있다. 반응성 기를 DNA의 한쪽 단부에 부가하는 것은 이전에 보고되어 있다. 티올 기는 폴리뉴클레오티드 키나제 및 ATP γ S를 사용하여 ssDNA의 5'에 부가될 수 있다 (문헌 [Grant, G. P. and P. Z. Qin (2007). "A facile method for attaching nitroxide spin labels at the 5' terminus of nucleic acids." *Nucleic Acids Res* **35**(10): e77])). 말단 트랜스퍼라제를 사용하여 보다 다양한 선택의 화학적 기, 예컨대 비오틴, 티올 및 형광단을 부가하여 변형된 올리고뉴클레오티드를 ssDNA의 3'에 혼입시킬 수 있다 (문헌 [Kumar, A., P. Tchen, et al. (1988). "Nonradioactive labeling of synthetic oligonucleotide probes with terminal deoxynucleotidyl transferase." *Anal Biochem* **169**(2): 376-82])).

[0081]

대안적으로, 부착이 혼성화를 통해 달성될 수 있도록, 반응성 기가 이중층에 이미 커플링된 것에 대해 상보적인 짧은 DNA 조각의 부가인 것으로 간주될 수 있다. T4 RNA 리가제 I을 사용한 짧은 ssDNA 조각의 라이게이션이 보고되어 있다 (문헌 [Troutt, A. B., M. G. McHeyzer-Williams, et al. (1992). "Ligation-anchored PCR: a simple amplification technique with single-sided specificity." *Proc Natl Acad Sci U S A* **89**(20): 9823-5])). 대안적으로, ssDNA 또는 dsDNA를 천연 dsDNA에 라이게이션한 다음, 2개의 가닥을 열 또는 화학 변성에 의해 분리할 수 있다. 천연 dsDNA에 대해, ssDNA 조각을 듀플렉스의 한쪽 또는 양쪽 단부에, 또는 dsDNA를 한쪽 또는 양쪽 단부에 부가하는 것이 가능하다. 이어서, 듀플렉스가 용융되면, 각각의 단일 가닥은, ssDNA가 라이게이션에 사용된 경우에는 5' 또는 3' 변형을, dsDNA가 라이게이션에 사용된 경우에는 5' 단부, 3' 단부 또는 둘 다에서의 변형을 가질 것이다. 폴리뉴클레오티드가 합성 가닥인 경우에, 커플링 화학은 폴리뉴클레오티드의 화학적 합성 동안에 혼입될 수 있다. 예를 들어, 폴리뉴클레오티드는 반응성 기가 부착되어 있는 프라이머를 사용하여 합성될 수 있다.

[0082]

게놈 DNA의 섹션의 증폭을 위한 통상적인 기술은 폴리머라제 연쇄 반응 (PCR)을 사용하는 것이다. 여기서, 2개의 합성 올리고뉴클레오티드 프라이머를 사용하여, DNA의 동일한 섹션의 다수의 카피를 생성할 수 있고, 여기서 각각의 카피에 대해 듀플렉스 내의 각각의 가닥의 5'는 합성 폴리뉴클레오티드일 것이다. 반응성 기, 예컨대 콜레스테롤, 티올, 비오틴 또는 지질을 갖는 안티센스 프라이머를 사용함으로써, 증폭된 표적 DNA의 각각의 카피는 커플링을 위한 반응성 기를 함유할 것이다.

[0083]

막횡단 기공은 바람직하게는 막횡단 단백질 기공이다. 막횡단 단백질 기공은 어느 정도까지 막을 가로지르는 단백질 구조이다. 그것은 인가된 전위에 의해 구동된 이온이 막을 가로질러 이동하거나 또는 막 내부에서 이동하는 것을 허용한다. 막횡단 단백질 기공은 전형적으로 이온, 예컨대 분석물이 막의 한쪽으로부터 막의 다른

쪽으로 유동하는 것을 허용하는 폴리펩티드 또는 폴리펩티드 모음이다. 그러나, 막횡단 단백질 기공이 반드시 막을 가로질러야만 하는 것은 아니다. 그것은 한쪽 끝에서 폐쇄될 수도 있다. 예를 들어, 막횡단 기공은 이온이 그것을 따라 또는 그 내부로 유동할 수 있는 막 내의 우물을 형성할 수 있다. 막횡단 단백질 기공은 바람직하게는 분석물, 예컨대 뉴클레오티드가 막을 가로질러 유동하거나 또는 막 내부에서 유동하는 것을 허용한다. 막횡단 단백질 기공은 폴리뉴클레오티드, 예컨대 DNA 또는 RNA가 기공을 통해 이동하는 것을 가능하게 한다.

[0084] 막횡단 단백질 기공은 단량체 또는 올리고머일 수 있다. 기공은 바람직하게는 여러 개의 반복되는 서브유닛, 예컨대 6, 7, 8 또는 9개의 서브유닛으로 구성된다. 기공은 바람직하게는 육량체, 칠량체, 팔량체 또는 구량체 기공이다.

[0085] 막횡단 단백질 기공은 전형적으로 이온이 그를 통해 유동할 수 있는 배럴 또는 채널을 포함한다. 기공의 서브유닛은 전형적으로 중심 축을 둘러싸고, 바닥이 막횡단 β 배럴 또는 채널 또는 막횡단 α -나선 다발 또는 채널이 되게 한다.

[0086] 막횡단 단백질 기공의 배럴 또는 채널은 전형적으로 분석물, 예컨대 뉴클레오티드, 폴리뉴클레오티드 또는 핵산과의 상호작용을 용이하게 하는 아미노산을 포함한다. 이들 아미노산은 바람직하게는 배럴 또는 채널의 수축부 근처에 위치한다. 막횡단 단백질 기공은 전형적으로 하나 이상의 양으로 하전된 아미노산, 예컨대 아르기닌, 리신 또는 히스티딘, 또는 방향족 아미노산, 예컨대 티로신 또는 트립토판을 포함한다. 이들 아미노산은 전형적으로 기공과 뉴클레오티드, 폴리뉴클레오티드 또는 핵산 간의 상호작용을 용이하게 한다.

[0087] 본 발명에 따라 사용하기 위한 막횡단 단백질 기공은 β -배럴 기공 또는 α -나선 다발 기공으로부터 유도될 수 있다. β -배럴 기공은 β -가닥으로부터 형성된 배럴 또는 채널을 포함한다. 적합한 β -배럴 기공은 β -독소, 예컨대 α -용혈소, 탄저병 독소 및 류코시딘, 및 박테리아의 외부 막 단백질/포린, 예컨대 미코박테리움 스메그마티스(*Mycobacterium smegmatis*) 포린 (Msp), 예를 들어 MspA, 외부 막 포린 F (OmpF), 외부 막 포린 G (OmpG), 외부 막 포스포리파제 A 및 네이세리아(*Neisseria*) 자가수송체 지단백질 (NalP)을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. α -나선 다발 기공은 α -나선으로부터 형성된 배럴 또는 채널을 포함한다. 적합한 α -나선 다발 기공은 내부 막 단백질 및 α 외부 막 단백질, 예컨대 WZA 및 ClyA 독소를 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 막횡단 기공은 Msp로부터 또는 α -용혈소 (α -HL)로부터 유도될 수 있다.

[0088] 바람직하게는 막횡단 단백질 기공은 Msp로부터, 바람직하게는 MspA로부터 유도된다. 이러한 기공은 올리고머일 것이고, 전형적으로 Msp로부터 유도된 7, 8, 9 또는 10개의 단량체를 포함한다. 기공은 동일한 단량체를 포함하는 Msp로부터 유도된 호모-올리고머 기공일 수 있다. 대안적으로, 기공은 서로 상이한 적어도 하나의 단량체를 포함하는 Msp로부터 유도된 헤테로-올리고머 기공일 수 있다. 바람직하게는, 기공은 MspA 또는 그의 상동체 또는 파라로그로부터 유도된다.

[0089] Msp로부터 유도된 단량체는 서열 2에 나타난 서열 또는 그의 변이체를 포함한다. 서열 2는 MspA 단량체의 MS-(B1)8 돌연변이체이다. 그것은 하기 돌연변이: D90N, D91N, D93N, D118R, D134R 및 E139K를 포함한다. 서열 2의 변이체는 서열 2와 다른 아미노산 서열을 갖고 그의 기공을 형성하는 능력을 보유하는 폴리펩티드이다. 기공을 형성하는 변이체의 능력은 당업계에 공지된 임의의 방법을 사용하여 검정할 수 있다. 예를 들어, 변이체를 다른 적절한 서브유닛과 함께 친양쪽성 층 내로 삽입할 수 있고, 올리고머화하여 기공을 형성하는 그의 능력을 결정할 수 있다. 막, 예컨대 친양쪽성 층 내로 서브유닛을 삽입하기 위한 방법은 당업계에 공지되어 있다. 예를 들어, 서브유닛을 지질 이중층을 함유하는 용액 중에 정제된 형태로 현탁시킬 수 있고, 이에 따라 그것을 지질 이중층으로 확산시켜, 지질 이중층에 대한 결합 및 기능적 상태로의 조립에 의해 삽입한다. 대안적으로, 문헌 [M.A. Holden, H. Bayley, J. Am. Chem. Soc. 2005, 127, 6502-6503] 및 국제 출원 번호 PCT/GB2006/001057 (WO 2006/100484로서 공개됨)에 기재된 "픽 앤드 플레이스(pick and place)" 방법을 사용하여 서브유닛을 막 내로 직접 삽입할 수도 있다.

[0090] 서열 2의 아미노산 서열의 전체 길이에 대해, 변이체는 바람직하게는 아미노산 동일성을 기준으로 하여 상기 서열에 대해 적어도 50% 상동성일 것이다. 보다 바람직하게는, 변이체는 전체 서열에 대해 서열 2의 아미노산 서열에 대한 아미노산 동일성을 기준으로 하여 적어도 55%, 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 보다 바람직하게는 적어도 95%, 97% 또는 99% 상동성일 수 있다. 100개 이상, 예를 들어 125, 150, 175 또는 200개 또는 그 초과인 인접 아미노산의 스트레치에 대한 적어도 80%, 예를 들어 적어도 85%, 90% 또는 95% 아미노산 동일성이 존재할 수도 있다 ("강한 상동성").

[0091] 당업계에서의 표준 방법을 사용하여 상동성을 결정할 수 있다. 예를 들어, UWGCG 패키지는, 예를 들어 그의 디

폴트 설정 상에 사용된 상동성을 계산하기 위해 사용될 수 있는 BESTFIT 프로그램을 제공한다 (문헌 [Devereux et al (1984) Nucleic Acids Research 12, p387-395]). PILEUP 및 BLAST 알고리즘은, 예를 들어 문헌 [Altschul S. F. (1993) J Mol Evol 36:290-300; Altschul, S.F et al (1990) J Mol Biol 215:403-10]에 기재된 바와 같이, 상동성 또는 라인 업 서열을 계산 (예컨대 (전형적으로 그의 디폴트 설정 상에서) 동등한 잔기 또는 상응하는 서열을 확인)하기 위해 사용될 수 있다. BLAST 분석을 수행하기 위한 소프트웨어는 국 국립 생물 정보 센터 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)를 통해 공개적으로 입수가능하다.

[0092] 서열 2는 MspA 단량체의 MS-(B1)8 돌연변이체이다. 변이체는 MspA와 비교하여 MspB, C 또는 D 단량체에서의 돌연변이 중 임의의 것을 포함할 수 있다. 성숙 형태의 MspB, C 및 D를 서열 5 내지 7에 나타낸다. 특히, 변이체는 MspB에 존재하는 하기 치환: A138P를 포함할 수 있다. 변이체는 MspC에 존재하는 하기 치환: A96G, N102E 및 A138P 중 하나 이상을 포함할 수 있다. 변이체는 MspD에 존재하는 하기 돌연변이: G1의 결실, L2V, E5Q, L8V, D13G, W21A, D22E, K47T, I49H, I68V, D91G, A96Q, N102D, S103T, V104I, S136K 및 G141A 중 하나 이상을 포함할 수 있다. 변이체는 Msp B, C 및 D로부터의 돌연변이 및 치환 중 하나 이상의 조합을 포함할 수 있다. 변이체는 바람직하게는 돌연변이 L88N을 포함한다. 서열 2의 변이체는 MS-B1의 모든 돌연변이 이외에 돌연변이 L88N을 갖고, MS-B2로 불린다. 본 발명에 사용된 기공은 바람직하게는 MS-(B2)8이다.

[0093] 상기에 논의된 것 이외에, 서열 2의 아미노산 서열에 대한 아미노산 치환, 예를 들어 1, 2, 3, 4, 5, 10, 20 또는 30개 이하의 치환이 이루어질 수 있다. 보존적 치환은 아미노산을 유사한 화학 구조, 유사한 화학적 특성 또는 유사한 측쇄 부피의 다른 아미노산으로 대체한다. 도입된 아미노산은 그것이 대체하는 아미노산과 유사한 극성, 친수성, 소수성, 염기성, 산성, 중성 또는 전하를 가질 수 있다. 대안적으로, 보존적 치환은 기존의 방향족 또는 지방족 아미노산 대신에 방향족 또는 지방족인 또 다른 아미노산을 도입할 수 있다. 보존적 아미노산 변화는 당업계에서 익히 공지되어 있고, 하기 표 2에 정의된 바와 같은 20개의 주요 아미노산의 특성에 따라 선택될 수 있다. 아미노산이 유사한 극성을 갖는 경우에, 이는 또한 표 3에서의 아미노산 측쇄에 대한 소수친수성 스케일을 참고하여 결정될 수 있다.

[0094] 표 2 - 아미노산의 화학적 특성

Ala	지방족, 소수성, 중성	Met	소수성, 중성
Cys	극성, 소수성, 중성	Asn	극성, 친수성, 중성
Asp	극성, 친수성, 하전됨(-)	Pro	소수성, 중성
Glu	극성, 친수성, 하전됨(-)	Gln	극성, 친수성, 중성
Phe	방향족, 소수성, 중성	Arg	극성, 친수성, 하전됨(+)
Gly	지방족, 중성	Ser	극성, 친수성, 중성
His	방향족, 극성, 친수성, 하전됨(+)	Thr	극성, 친수성, 중성
Ile	지방족, 소수성, 중성	Val	지방족, 소수성, 중성
Lys	극성, 친수성, 하전됨(+)	Trp	방향족, 소수성, 중성
Leu	지방족, 소수성, 중성	Tyr	방향족, 극성, 소수성

[0095]

[0096] 표 3- 소수친수성 스케일

측쇄	소수친수성
Ile	4.5
Val	4.2
Leu	3.8
Phe	2.8
Cys	2.5
Met	1.9
Ala	1.8
Gly	-0.4
Thr	-0.7
Ser	-0.8
Trp	-0.9
Tyr	-1.3
Pro	-1.6
His	-3.2
Glu	-3.5
Gln	-3.5
Asp	-3.5
Asn	-3.5
Lys	-3.9
Arg	-4.5

[0097]

[0098] 서열 2의 아미노산 서열 중 1개 이상의 아미노산 잔기가 상기에 기재된 폴리펩티드로부터 추가로 결실될 수 있다. 1, 2, 3, 4, 5, 10, 20 또는 30개 이하의 잔기 또는 그 초과가 결실될 수 있다.

[0099] 변이체는 서열 2의 단편을 포함할 수 있다. 이러한 단편은 기공 형성 활성을 보유한다. 단편은 적어도 50, 100, 150 또는 200개 아미노산 길이일 수 있다. 이러한 단편을 사용하여 기공을 생성할 수 있다. 단편은 바람직하게는 서열 2의 기공 형성 도메인을 포함한다. 단편은 서열 2의 잔기 88, 90, 91, 105, 118 및 134 중 1개를 포함하여야 한다. 전형적으로, 단편은 서열 2의 잔기 88, 90, 91, 105, 118 및 134 모두를 포함한다.

[0100] 1개 이상의 아미노산이 상기에 기재된 폴리펩티드에 대안적으로 또는 부가적으로 부가될 수 있다. 서열 2 또는 그의 폴리펩티드 변이체 또는 단편의 아미노산 서열의 아미노 말단 또는 카르복시 말단에 연장이 제공될 수 있다. 연장은 상당히 짧은, 예를 들어 1 내지 10개 아미노산 길이일 수 있다. 대안적으로, 연장은 보다 긴, 예를 들어 50 또는 100개 이하의 아미노산일 수 있다. 운반 단백질이 본 발명에 따른 아미노산 서열에 융합될 수 있다. 다른 융합 단백질은 하기에서 보다 상세하게 논의한다.

[0101] 상기에 논의된 바와 같이, 변이체는 서열 2와 다른 아미노산 서열을 갖고 그의 기공을 형성하는 능력을 보유하는 폴리펩티드이다. 변이체는 전형적으로 기공 형성을 담당하는 서열 2의 영역을 함유한다. β -배럴을 함유하는 Msp의 기공 형성 능력은 각각의 서브유닛 내의 β -시트에 의해 제공된다. 서열 2의 변이체는 전형적으로 β -시트를 형성하는 서열 2 내의 영역을 포함한다. 생성된 변이체가 그의 기공을 형성하는 능력을 보유하는 한, β -시트를 형성하는 서열 2의 영역에 대해 하나 이상의 변형이 이루어질 수 있다. 서열 2의 변이체는 바람직하게는 그의 α -나선 및/또는 루프 영역 내에 하나 이상의 변형, 예컨대 치환, 부가 또는 결실을 포함한다.

[0102] Msp로부터 유도된 단량체는, 예를 들어 히스티딘 잔기 (hist 태그), 아스파르트산 잔기 (asp 태그), 스트렙타비딘 태그 또는 플래그 태그의 부가에 의해, 또는 세포로부터의 그의 분비를 촉진하기 위한 신호 서열의 부가에 의해 (폴리펩티드는 이러한 서열을 자연적으로 함유하지 않음) 변형되어 그의 확인 또는 정제를 보조할 수 있다. 유전적 태그를 도입하는 것에 대한 대안은 태그를 기공 상의 천연 또는 조작된 위치 상에서 화학적으로 반응시키는 것이다. 이의 예는 겔-시프트 시약을 기공의 외부 상에서 조작된 시스테인에 대해 반응시키는 것일 것이다. 이는 용혈소 헤테로-올리고머를 분리하는 방법으로서 입증되어 있다 (문헌 [Chem Biol. 1997 Jul; 4(7):497-505]).

[0103] Msp로부터 유도된 단량체는 표식 표지로 표지될 수 있다. 표식 표지는 기공이 검출되게 하는 임의의 적합한 표지일 수 있다. 적합한 표지는 형광 분자, 방사성 동위원소, 예를 들어 ^{125}I , ^{35}S , 효소, 항체, 항원, 폴리뉴클레오타이드 및 리간드, 예컨대 비오틴을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다.

[0104] Msp로부터 유도된 단량체는 D-아미노산을 사용하여 생산될 수도 있다. 예를 들어, Msp로부터 유도된 단량체는 L-아미노산 및 D-아미노산의 혼합물을 포함할 수 있다. 이는 이러한 단백질을 생산하기 위해 당업계에서 통상적인 것이다.

[0105] Msp로부터 유도된 단량체는 뉴클레오타이드 구별을 용이하게 하는 하나 이상의 특이적 변형을 함유한다. Msp로부터

터 유도된 단량체는 다른 비-특이적 변형이 기공 형성을 방해하지 않는 한, 이를 함유할 수도 있다. 다수의 비-특이적 측쇄 변형이 당업계에 공지되어 있고, Msp로부터 유도된 단량체의 측쇄에 대해 이루어질 수 있다. 이러한 변형은, 예를 들어 알데히드와의 반응 후 NaBH_4 로의 환원에 의한 아미노산의 환원성 알킬화, 메틸아세트이 미데이트로의 아미드화 또는 아세트산 무수물로의 아실화를 포함한다.

[0106] Msp로부터 유도된 단량체는 당업계에 공지된 표준 방법을 사용하여 생산될 수 있다. Msp로부터 유도된 단량체는 합성에 의해 또는 제조합 수단에 의해 제조될 수 있다. 예를 들어, 기공은 시험관내 번역 및 전사 (IVTT)에 의해 합성될 수 있다. 기공을 생산하는 적합한 방법은 국제 출원 번호 PCT/GB09/001690 (WO 2010/004273으로서 공개됨), PCT/GB09/001679 (WO 2010/004265로서 공개됨) 또는 PCT/GB10/000133 (WO 2010/086603으로서 공개됨)에 논의되어 있다. 기공을 막 내로 삽입하는 방법이 논의되어 있다.

[0107] 막횡단 단백질 기공은 바람직하게는 α -용혈소 (α -HL)로부터도 유도된다. 야생형 α -HL 기공은 7개의 동일한 단량체 또는 서브유닛으로 형성된다 (즉, 이것은 칠량체임). α -용혈소-NN의 1개의 단량체 또는 서브유닛의 서열을 서열 4에 나타낸다. 막횡단 단백질 기공은 바람직하게는 7개의 단량체를 포함하고, 이들 각각은 서열 4에 나타낸 서열 또는 그의 변이체를 포함한다. 서열 4의 아미노산 1, 7 내지 21, 31 내지 34, 45 내지 51, 63 내지 66, 72, 92 내지 97, 104 내지 111, 124 내지 136, 149 내지 153, 160 내지 164, 173 내지 206, 210 내지 213, 217, 218, 223 내지 228, 236 내지 242, 262 내지 265, 272 내지 274, 287 내지 290 및 294는 루프 영역을 형성한다. 서열 4의 잔기 113 및 147은 α -HL의 배럴 또는 채널의 수축 부분을 형성한다.

[0108] 이러한 실시양태에서, 서열 4에 나타낸 서열 또는 그의 변이체를 각각 포함하는 7개의 단백질 또는 단량체를 포함하는 기공이 본 발명의 방법에서 바람직하게 사용된다. 7개의 단백질은 동일할 수 있거나 (동종칠량체) 또는 상이할 수 있다 (이종칠량체).

[0109] 서열 4의 변이체는 서열 4와 다른 아미노산 서열을 갖고 그의 기공을 형성하는 능력을 보유하는 단백질이다. 기공을 형성하는 변이체의 능력은 당업계에 공지된 임의의 방법을 사용하여 검정할 수 있다. 예를 들어, 변이체를 다른 적절한 서브유닛과 함께 친양쪽성 층, 예컨대 지질 이중층 내로 삽입할 수 있고, 올리고머화하여 기공을 형성하는 그의 능력을 결정할 수 있다. 친양쪽성 층, 예컨대 지질 이중층 내로 서브유닛을 삽입하기 위한 방법은 당업계에 공지되어 있다. 적합한 방법은 상기에 논의되어 있다.

[0110] 변이체는 헬리카제에 대한 공유 부착 또는 그와의 상호작용을 용이하게 하는 변형을 포함할 수 있다. 변이체는 바람직하게는 헬리카제에 대한 부착을 용이하게 하는 1개 이상의 반응성 시스테인 잔기를 포함한다. 예를 들어, 변이체는 서열 4의 위치 8, 9, 17, 18, 19, 44, 45, 50, 51, 237, 239 및 287 중 1개 이상 및/또는 아미노 또는 카르복시 말단에서 시스테인을 포함할 수 있다. 바람직한 변이체는 서열 4의 위치 8, 9, 17, 237, 239 및 287의 잔기의 시스테인으로의 치환 (A8C, T9C, N17C, K237C, S239C 또는 E287C)을 포함한다. 변이체는 바람직하게는 국제 출원 번호 PCT/GB09/001690 (WO 2010/004273으로서 공개됨), PCT/GB09/001679 (WO 2010/004265로서 공개됨) 또는 PCT/GB10/000133 (WO 2010/086603으로서 공개됨)에 기재된 변이체 중 어느 하나이다.

[0111] 변이체는 뉴클레오티드와의 임의의 상호작용을 용이하게 하는 변형을 포함할 수도 있다.

[0112] 변이체는 유기체, 예를 들어 스태필로코쿠스(*Staphylococcus*) 박테리아에 의해 자연적으로 발현되는 자연 발생 변이체일 수 있다. 대안적으로, 변이체는 에스케리키아 콜라이(*Escherichia coli*)와 같은 박테리아에 의해 시험관 내에서 또는 제조합적으로 발현될 수 있다. 변이체는 또한 제조합 기술에 의해 생성된 비-자연 발생 변이체를 포함한다. 서열 4의 아미노산 서열의 전체 길이에 대해, 변이체는 바람직하게는 아미노산 동일성을 기준으로 하여 상기 서열에 대해 적어도 50% 상동성일 것이다. 보다 바람직하게는, 변이체 폴리펩티드는 전체 서열에 대해 서열 4의 아미노산 서열에 대한 아미노산 동일성을 기준으로 하여 적어도 55%, 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 보다 바람직하게는 적어도 95%, 97% 또는 99% 상동성일 수 있다. 200개 이상, 예를 들어 230, 250, 270 또는 280개 또는 그 초과인 인접 아미노산의 스트레치에 대한 적어도 80%, 예를 들어 적어도 85%, 90% 또는 95% 아미노산 동일성이 존재할 수도 있다 ("강한 상동성"). 상동성은 상기에 논의된 바와 같이 결정할 수 있다.

[0113] 상기에 논의된 것 이외에, 서열 4의 아미노산 서열에 대한 아미노산 치환, 예를 들어 1, 2, 3, 4, 5, 10, 20 또는 30개 이하의 치환이 이루어질 수 있다. 보존적 치환은 상기에 논의된 바와 같이 이루어질 수 있다.

[0114] 서열 4의 아미노산 서열 중 1개 이상의 아미노산 잔기가 상기에 기재된 폴리펩티드로부터 추가로 결실될 수 있

다. 1, 2, 3, 4, 5, 10, 20 또는 30개 이하의 잔기 또는 그 초과가 결실될 수 있다.

- [0115] 변이체는 서열 4의 단편일 수 있다. 이러한 단편은 기공-형성 활성을 보유한다. 단편은 적어도 50, 100, 200 또는 250개 아미노산 길이일 수 있다. 단편은 바람직하게는 서열 4의 기공-형성 도메인을 포함한다. 단편은 전형적으로 서열 4의 잔기 119, 121, 135, 113 및 139를 포함한다.
- [0116] 1개 이상의 아미노산이 상기에 기재된 폴리펩티드에 대안적으로 또는 부가적으로 부가될 수 있다. 서열 4 또는 그의 변이체 또는 단편의 아미노산 서열의 아미노 말단 또는 카르복시 말단에 연장이 제공될 수 있다. 연장은 상당히 짧은, 예를 들어 1 내지 10개 아미노산 길이일 수 있다. 대안적으로, 연장은 보다 긴, 예를 들어 50 또는 100개 이하의 아미노산일 수 있다. 운반 단백질이 기공 또는 변이체에 융합될 수 있다.
- [0117] 상기에 논의된 바와 같이, 서열 4의 변이체는 서열 4와 다른 아미노산 서열을 갖고 그의 기공을 형성하는 능력을 보유하는 서브유닛이다. 변이체는 전형적으로 기공 형성을 담당하는 서열 4의 영역을 함유한다. β -배럴을 함유하는 α -HL의 기공 형성 능력은 각각의 서브유닛 내의 β -가닥에 의해 제공된다. 서열 4의 변이체는 전형적으로 β -가닥을 형성하는 서열 4 내의 영역을 포함한다. β -가닥을 형성하는 서열 4의 아미노산은 상기에 논의되어 있다. 생성된 변이체가 그의 기공을 형성하는 능력을 보유하는 한, β -가닥을 형성하는 서열 4의 영역에 대해 하나 이상의 변형이 이루어질 수 있다. 서열 4의 β -가닥 영역에 대해 이루어질 수 있는 특이적 변형은 상기에 논의되어 있다.
- [0118] 서열 4의 변이체는 바람직하게는 그의 α -나선 및/또는 루프 영역 내에 하나 이상의 변형, 예컨대 치환, 부가 또는 결실을 포함한다. α -나선 및 루프를 형성하는 아미노산은 상기에 논의되어 있다.
- [0119] 변이체는 상기에 논의된 바와 같이 변형되어 그의 확인 또는 정제를 보조할 수 있다.
- [0120] α -HL로부터 유도된 기공은 Msp로부터 유도된 기공에 관하여 상기에 논의된 바와 같이 제조될 수 있다.
- [0121] 일부 실시양태에서, 막형단 단백질 기공은 화학적으로 변형된다. 기공은 임의의 방식으로 임의의 부위에서 화학적으로 변형될 수 있다. 막형단 단백질 기공은 바람직하게는 하나 이상의 시스테인에 대한 분자의 부착 (시스테인 연결), 하나 이상의 리신에 대한 분자의 부착, 하나 이상의 비-천연 아미노산에 대한 분자의 부착, 에피토프의 효소 변형 또는 말단의 변형에 의해 화학적으로 변형된다. 이러한 변형을 수행하기에 적합한 방법은 당업계에 익히 공지되어 있다. 막형단 단백질 기공은 임의의 분자의 부착에 의해 화학적으로 변형될 수 있다. 예를 들어, 기공은 염료 또는 형광단의 부착에 의해 화학적으로 변형될 수 있다.
- [0122] 기공 내의 임의의 개수의 단량체가 화학적으로 변형될 수 있다. 1개 이상, 예컨대 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 또는 10개의 단량체가 바람직하게는 상기에 논의된 바와 같이 화학적으로 변형된다.
- [0123] 시스테인 잔기의 반응성은 인접 잔기의 변형에 의해 증진될 수 있다. 예를 들어, 플랭킹 아르기닌, 히스티딘 또는 리신 잔기의 염기성 기는 시스테인 티올 기의 pKa를 보다 반응성인 S⁻ 기의 것으로 변화시킬 것이다. 시스테인 잔기의 반응성은 티올 보호기, 예컨대 dTNB에 의해 보호될 수 있다. 이들을 링커가 부착되기 전에 기공의 1개 이상의 시스테인 잔기와 반응시킬 수 있다.
- [0124] 분자 (기공을 화학적으로 변형시키는 것)는 국제 출원 번호 PCT/GB09/001690 (WO 2010/004273으로서 공개됨), PCT/GB09/001679 (WO 2010/004265로서 공개됨) 또는 PCT/GB10/000133 (WO 2010/086603으로서 공개됨)에 개시된 바와 같이 링커를 통해 부착될 수 있거나 또는 기공에 직접적으로 부착될 수 있다.
- [0125] 임의의 RecD 헬리카제를 본 발명에 따라 사용할 수 있다. RecD 헬리카제의 구조는 당업계에 공지되어 있다 (문헌 [FEBS J. 2008 Apr;275(8):1835-51. Epub 2008 Mar 9. ATPase activity of RecD is essential for growth of the Antarctic Pseudomonas syringae Lz4W at temperature. Satapathy AK, Pavankumar TL, Bhattacharjya S, Sankaranarayanan R, Ray MK; EMS Microbiol Rev. 2009 May;33(3):657-87. The diversity of conjugative relaxases and its application in plasmid classification. Garcillan-Barcia MP, Francia MV, de la Cruz F; J Biol Chem. 2011 Apr 8;286(14):12670-82. Epub 2011 Feb 2. Functional characterization of the multidomain F plasmid TraI relaxase-helicase. Cheng Y, McNamara DE, Miley MJ, Nash RP, Redinbo MR]).
- [0126] RecD 헬리카제는 전형적으로 아미노산 모티프 X1-X2-X3-G-X4-X5-X6-X7 (이하 RecD-유사 모티프 I로 불림; 서열 8)을 포함하고, 여기서 X1은 G, S 또는 A이고, X2는 임의의 아미노산이고, X3은 P, A, S 또는 G이고, X4는 T, A, V, S 또는 C이고, X5는 G 또는 A이고, X6은 K 또는 R이고, X7은 T 또는 S이다. X1은 바람직하게는 G이다. X2는 바람직하게는 G, I, Y 또는 A이다. X2는 보다 바람직하게는 G이다. X3은 바람직하게는 P 또는 A이다.

X4는 바람직하게는 T, A, V 또는 C이다. X4는 바람직하게는 T, V 또는 C이다. X5는 바람직하게는 G이다. X6은 바람직하게는 K이다. X7은 바람직하게는 T 또는 S이다. RecD 헬리카제는 바람직하게는 Q-(X8)₁₆₋₁₈-X1-X2-X3-G-X4-X5-X6-X7 (이하 연장된 RecD-유사 모티프 I로 불림; 각각 16, 17 및 18개의 X8이 존재하는 서열 9, 10 및 11)을 포함하고, 여기서 X1 내지 X7은 상기에 정의된 바와 같고, X8은 임의의 아미노산이다. 연장된 RecD-유사 모티프 I에는 바람직하게는 16개의 X8 잔기 (즉, (X8)₁₆)가 존재한다 (서열 9). (X8)₁₆에 적합한 서열은 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42 및 44에서 확인할 수 있다.

[0127] RecD 헬리카제는 바람직하게는 아미노산 모티프 G-G-P-G-Xa-G-K-Xb (이하 RecD 모티프 I로 불림; 서열 12)를 포함하고, 여기서 Xa는 T, V 또는 C이고, Xb는 T 또는 S이다. Xa는 바람직하게는 T이다. Xb는 바람직하게는 T이다. RecD 헬리카제는 바람직하게는 서열 G-G-P-G-T-G-K-T (서열 19; 표 5 참조)를 포함한다. RecD 헬리카제는 보다 바람직하게는 아미노산 모티프 Q-(X8)₁₆₋₁₈-G-G-P-G-Xa-G-K-Xb (이하 연장된 RecD 모티프 I로 불림; 각각 16, 17 및 18개의 X8이 존재하는 서열 13, 14 및 15)를 포함하고, 여기서 Xa 및 Xb는 상기에 정의된 바와 같고, X8은 임의의 아미노산이다. 연장된 RecD 모티프 I에는 바람직하게는 16개의 X8 잔기 (즉, (X8)₁₆)가 존재한다 (서열 13). (X8)₁₆에 적합한 서열은 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42 및 44에서 확인할 수 있다.

[0128] RecD 헬리카제는 전형적으로 아미노산 모티프 X1-X2-X3-X4-X5-(X6)₃-Q-X7 (이하 RecD-유사 모티프 V로 불림; 서열 16)을 포함하고, 여기서 X1은 Y, W 또는 F이고, X2는 A, T, S, M, C 또는 V이고, X3은 임의의 아미노산이고, X4는 T, N 또는 S이고, X5는 A, T, G, S, V 또는 I이고, X6은 임의의 아미노산이고, X7은 G 또는 S이다. X1은 바람직하게는 Y이다. X2는 바람직하게는 A, M, C 또는 V이다. X2는 보다 바람직하게는 A이다. X3은 바람직하게는 I, M 또는 L이다. X3은 보다 바람직하게는 I 또는 L이다. X4는 바람직하게는 T 또는 S이다. X4는 보다 바람직하게는 T이다. X5는 바람직하게는 A, V 또는 I이다. X5는 보다 바람직하게는 V 또는 I이다. X5는 가장 바람직하게는 V이다. (X6)₃은 바람직하게는 H-K-S, H-M-A, H-G-A 또는 H-R-S이다. (X6)₃은 보다 바람직하게는 H-K-S이다. X7은 바람직하게는 G이다. RecD 헬리카제는 바람직하게는 아미노산 모티프 Xa-Xb-Xc-Xd-Xe-H-K-S-Q-G (이하 RecD 모티프 V로 불림; 서열 17)를 포함하고, 여기서 Xa는 Y, W 또는 F이고, Xb는 A, M, C 또는 V이고, Xc는 I, M 또는 L이고, Xd는 T 또는 S이고, Xe는 V 또는 I이다. Xa는 바람직하게는 Y이다. Xb는 바람직하게는 A이다. Xd는 바람직하게는 T이다. Xe는 바람직하게는 V이다. RecD 헬리카제는 바람직하게는 (1) RecD-유사 모티프 I 및 V (서열 8 및 12), (2) RecD 모티프 I 및 RecD-유사 모티프 V (서열 12 및 16), (3) RecD 모티프 I 및 V (서열 12 및 17), (4) 연장된 RecD-유사 모티프 I 및 RecD-유사 모티프 V (서열 9, 10 또는 11 및 16), (5) 연장된 RecD 모티프 I 및 RecD-유사 모티프 V (서열 13, 14 또는 15 및 16) 또는 (6) 연장된 RecD 모티프 I 및 RecD 모티프 V (서열 13, 14 또는 15 및 17)를 포함한다.

[0129] 바람직한 RecD 모티프 I은 하기 표 5에 나타낸다. 바람직한 RecD-유사 모티프 I은 하기 표 7에 나타낸다. 바람직한 RecD-유사 모티프 V는 하기 표 5 및 7에 나타낸다.

[0130] RecD 헬리카제는 바람직하게는 하기 표 4에 나타낸 헬리카제 중 하나 또는 그의 변이체이다.

[0131]

표 4 - 바람직한 RecD 헬리카제 및 그의 등록 번호

- 1 NP_295625.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 RecD [테이노코쿠스 라디오두란스 R1] >gb|AAF11453.1|AE002029_2
엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 서브유닛 RecD, 추정 [테이노코쿠스 라디오두란스 R1]
- 2 YP_604297.1 헬리카제 RecD/TraA [테이노코쿠스 게오썬말리스 DSM 11300]
>gb|ABF45128.1| 헬리카제 RecD/TraA [테이노코쿠스 게오썬말리스 DSM 11300]
- 3 YP_002786343.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [테이노코쿠스 테세르티 VCD115] >gb|ACO46589.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [테이노코쿠스 테세르티 VCD115]
- 4 3E1S_A 쇠 A, 테이노코쿠스 라디오두란스 Recd2 의 N-말단 절단의 구조
>pdb|3GP8|A 쇠 A, Dna 와 Recd2 의 2 원 복합체의 결정 구조
>pdb|3GPL|A 쇠 A, Dna 및 Adpnp 와 Recd2 의 3 원 복합체의 결정 구조
>pdb|3GPL|B 쇠 B, Dna 및 Adpnp 와 Recd2 의 3 원 복합체의 결정 구조
- 5 YP_004256144.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
>gb|ADY26527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
- 6 YP_004170918.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 마리코펜시스 DSM 21211] >gb|ADV67253.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 마리코펜시스 DSM 21211]
- 7 YP_004256838.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
>gb|ADY27475.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테이노코쿠스 프로테오리티쿠스 MRP]
- 8 YP_003885838.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7822]
>gb|ADN12563.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7822]
- 9 ZP_08579275.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 멀티사카리보락스 DSM 17128] >gb|EGN56845.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 멀티사카리보락스 DSM 17128]
- 10 YP_002377692.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7424]
>gb|ACK70824.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7424]
- 11 YP_001519318.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW30000.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 12 YP_003318882.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스파에로박터 써모필루스 DSM 20745]
>gb|ACZ38060.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스파에로박터 써모필루스 DSM 20745]
- 13 YP_004671137.1 가설 단백질 SNE_A07690 [심카니아 네게벤시스 Z]
>emb|CCB88646.1| 비특정화 단백질 yrrC [심카니아 네게벤시스 Z]
- 14 YP_375364.1 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 루테올룸 DSM 273]
>gb|ABB24321.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 루테올룸 DSM 273]
- 15 YP_002418908.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
>gb|ACK80980.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
- 16 YP_003065757.1 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4] >emb|CAX21689.1| 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4]
- 17 ZP_00518989.1 헬리카제 RecD/TraA [크로코스포에라 왓소나이 WH 8501]

[0132]

- >gb|EAM47924.1| 헬리카제 RecD/TraA [크로코스파에라 왓소나이 WH 8501]
- 18 [ZP_06973397.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
>gb|EFH81464.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
- 19 [ZP_08486910.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로미크로비움 알봄 BG8]
>gb|EGL02141.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로미크로비움 알봄 BG8]
- 20 [YP_002015362.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [프로스테코클로리스 아에스투아리이 DSM 271]>gb|ACF45715.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프로스테코클로리스 아에스투아리이 DSM 271]
- 21 [YP_001130786.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오비브리오이데스 DSM 265]>gb|ABP37284.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움 파에오비브리오이데스 DSM 265]
- 22 [YP_002961258.1](#) 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 AM1]>gb|ACS37981.1| 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 AM1]
- 23 [ZP_08772902.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV16093.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 24 [YP_001637509.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 PA1]
>gb|ABY28438.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 PA1]
- 25 [ZP_02062824.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [리케치엘라 그릴리]>gb|EDP46829.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [리케치엘라 그릴리]
- 26 [ZP_08768753.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV20712.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 27 [YP_001922739.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 포폴리 BJ001]
>gb|ACB78204.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 포폴리 BJ001]
- 28 [YP_002018300.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메 BU-1]>gb|ACF43683.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메 BU-1]
- 29 [ZP_06245171.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [빅터발리스 바텐시스 ATCC BAA-548]
>gb|EFA98856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [빅터발리스 바텐시스 ATCC BAA-548]
- 30 [ZP_08771217.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV17897.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 31 [ZP_08769899.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
>gb|EGV18833.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오캅사 마리나 5811]
- 32 [ZP_03727363.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [오피투타세아에 박테리움 TAV2]
>gb|EEG18626.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [오피투타세아에 박테리움 TAV2]
- 33 [ZP_05027797.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420]>gb|EDX74161.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420]
- 34 [YP_001521445.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW32131.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 35 [YP_002606149.1](#) RecD3 [테슬포박테리움 아우토티로피쿰 HRM2]>gb|ACN17985.1| RecD3 [테슬포박테리움 아우토티로피쿰 HRM2]
- [0133]
- 36 [YP_003165615.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 아큐물리박터 포스파티스 클레이드 IIA 균주 UW-1]>gb|ACV33686.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 아큐물리박터 포스파티스 클레이드 IIA 균주 UW-1]
- 37 [ZP_01732265.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110]>gb|EAZ88318.1| 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110]

[0134]

- 38 [YP_901533.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
>gb|ABK99475.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
- 39 [YP_004121205.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
>gb|ADU62459.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
- 40 [YP_911313.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오박테로이데스 DSM 266]
>gb|ABL64889.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움 파에오박테로이데스 DSM 266]
- 41 [YP_002424008.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
>gb|ACK86080.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 클로로메타니쿰 CM4]
- 42 [YP_320143.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [아나바에나 바리아빌리스 ATCC 29413]
>gb|ABA24954.1| 헬리카제 RecD/TraA [아나바에나 바리아빌리스 ATCC 29413]
- 43 [YP_001603050.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>emb|CAP56758.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 44 [ZP_05054956.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 307]
>gb|EDY75856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 307]
- 45 [YP_003445164.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알로크로마티움 비노숨 DSM 180]
>gb|ADC64132.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알로크로마티움 비노숨 DSM 180]
- 46 [NP_490177.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠 [노스톡 중 PCC 7120]
>dbj|BAB78155.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠 [노스톡 중 PCC 7120]
- 47 [NP_923575.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글로에오박터 비올라세우스 PCC 7421]
>dbj|BAC88570.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글로에오박터 비올라세우스 PCC 7421]
- 48 [YP_001601244.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>emb|CAP54908.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 49 [YP_004748470.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1]
>gb|AEK57770.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1]
- 50 [YP_004863326.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 클로르아시도박테리움 씨모필룸 B]
>gb|AEP12810.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [칸디다투스 클로르아시도박테리움 씨모필룸 B]
- 51 [YP_001520750.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW31600.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 52 [YP_003197384.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포할로비움 레트바엔세 DSM 5692]
>gb|ACV67806.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포할로비움 레트바엔세 DSM 5692]
- 53 [ZP_08900128.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [글루콘아세토박터 오보에디엔스 174Bp2]
- 54 [YP_002275391.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
>gb|ACI50776.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [글루콘아세토박터 디아조트로피쿠스 PAI 5]
- 55 [YP_003156740.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포미크로비움 바콜라툼 DSM 4028]
>gb|ACU88324.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리

[0135]

- 56 [JP_08821817.1](#) [테슬포미크로비움 바쿨라툼 DSM 4028]
헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도코쿠스 트류시아 AZ1]
>gb|EGV33422.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도코쿠스
트류시아 AZ1]
- 57 [JP_01731986.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110] >gb|EAZ88625.1|
헬리카제 RecD/TraA [시아노테세 중 CCY0110]
- 58 [YP_001943002.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 리미콜라 DSM 245]
>gb|ACD90023.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움
리미콜라 DSM 245]
- 59 [JP_08318929.1](#) 가설 단백질 SXCC_04894 [글루콘아세토박터 중 SXCC-1]
>gb|EGG74446.1| 가설 단백질 SXCC_04894 [글루콘아세토박터 중
SXCC-1]
- 60 [YP_002017890.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온 파에오클라트라티포르메
BU-1] >gb|ACF43273.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로딕티온
파에오클라트라티포르메 BU-1]
- 61 [JP_07972826.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [시네코코쿠스 중 CB0101]
- 62 [YP_003189342.1](#) DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-
01] >dbj|BAI00963.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-01] >dbj|BAI04011.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-03]
>dbj|BAI07058.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-07] >dbj|BAI10106.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-22]
>dbj|BAI13154.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-26] >dbj|BAI16200.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-32]
>dbj|BAI19184.1| DNA 헬리카제 RecD/TraA [아세토박터
파스테우리아누스 IFO 3283-01-42C] >dbj|BAI22230.1| DNA 헬리카제
RecD/TraA [아세토박터 파스테우리아누스 IFO 3283-12]
- 63 [YP_001959197.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로비움 파에오파테로이데스 BS1]
>gb|ACE03716.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로비움
파에오파테로이데스 BS1]
- 64 [JP_05064957.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 238]
>gb|EDY90196.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터
안타르크티쿠스 238]
- 65 [YP_001772290.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 중 4-46]
>gb|ACA19856.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 중
4-46]
- 66 [YP_001998378.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로바큘룸 파르봄 NCIB 8327]
>gb|ACF11178.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로바큘룸
파르봄 NCIB 8327]
- 67 [YP_001869949.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [노스톡 폰크티포르메 PCC 73102]
>gb|ACC84908.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [노스톡
폰크티포르메 PCC 73102]
- 68 [JP_08109907.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 중 ND132]
>gb|EGB13792.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오
테슬푸리칸스 ND132]
- 69 [JP_06965850.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터 라세미페르 DSM 44963]
>gb|EFH88961.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [크테도노박터
라세미페르 DSM 44963]
- 70 [JP_05428586.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 DSM 2360]
>ref|JP_06247696.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움
썬모셀룸 JW20] >gb|EEU02481.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리

[0136]

- [클로스트리디움 썬모셀룸 DSM 2360] >gb|EFB38336.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 JW20]
- 71 ZP_05404007.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미츠오켄라 몰타시다 DSM 20544] >gb|EEX68970.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [미츠오켄라 몰타시다 DSM 20544]
- 72 YP_002992028.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 살렉시겐스 DSM 2638] >gb|ACS80489.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 살렉시겐스 DSM 2638]
- 73 ZP_02190744.1 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199] >gb|EDP62587.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
- 74 ZP_08959149.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [할로모나스 중 HAL1] >gb|EHA16215.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [할로모나스 중 HAL1]
- 75 YP_003709145.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [와들리아 콘드로필라 WSU 86-1044] >gb|ADI38139.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [와들리아 콘드로필라 WSU 86-1044]
- 76 YP_003528424.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 할로필루스 Nc4] >gb|ADE16037.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 할로필루스 Nc4]
- 77 ZP_02191403.1 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199] >gb|EDP1760.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
- 78 YP_004802608.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 중 시렉스 AA-E] >gb|AEN10068.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 중 시렉스 AA-E]
- 79 CCB91170.1 비특성화 단백질 yrrC [와들리아 콘드로필라 2032/99]
- 80 YP_289811.1 헬리카제 RecD/TraA [썬모비피다 푸스카 YX] >gb|AAZ55788.1| 헬리카제 RecD/TraA [썬모비피다 푸스카 YX]
- 81 ZP_07015918.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬폰아트로나스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1] >gb|EFI36068.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬폰아트로나스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1]
- 82 YP_004766648.1 헬리카제 [메가스파에라 엘스테니이 DSM 20460] >emb|CCC73821.1| 헬리카제 [메가스파에라 엘스테니이 DSM 20460]
- 83 ZP_04708454.1 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 11379] >ref|ZP_06584159.1| 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 15998] >gb|EFE74620.1| 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 로세오스포루스 NRRL 15998]
- 84 YP_001039578.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405] >gb|ABN54385.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405]
- 85 YP_594664.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [로소니아 인트라셀룰라리스 PHE/MN1-00] >emb|CAJ54343.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [로소니아 인트라셀룰라리스 PHE/MN1-00]
- 86 NP_662288.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, 추정 [클로로비움 테피둠 TLS] >gb|AAM72630.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, 추정 [클로로비움 테피둠 TLS]
- 87 ZP_08423994.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 아프리카누스 균주 윌비스 베이] >gb|EGJ51099.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포비브리오 아프리카누스 균주 윌비스 베이]
- 88 YP_007688.1 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [칸디다투스 프로토클라미디아

[0137]

- 아모에보필라 UWE25] >emb|CAF23413.1| 추정
엑소테옥시리보뉴클레아제 V [칸디다투스 프로토클라미디아
아모에보필라 UWE25]
- 89 YP_002953244.1 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [데슬포비브리오 마그네터쿠스
RS-1] >dbj|BAH75358.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질
[데슬포비브리오 마그네터쿠스 RS-1]
- 90 ADW05584.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 플라보그리세우스
ATCC 33331]
- 91 ZP_01385982.1 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 페로옥시단스 DSM 13031]
>gb|EAT59085.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 페로옥시단스
DSM 13031]
- 92 YP_001716965.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칸디다투스 데슬포루디스
아우닥스비아토르 MP104C] >gb|ACA59333.1| 헬리카제, RecD/TraA
패밀리 [칸디다투스 데슬포루디스 아우닥스비아토르 MP104C]
- 93 ADL25833.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피브로박터 속시노게네스 아종
속시노게네스 S85]
- 94 YP_002480970.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC 7425]
>gb|ACL42609.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [시아노테세 종 PCC
7425]
- 95 YP_004516136.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데슬포토마쿨룸 쿠즈네초비이 DSM
6115] >gb|AEG14335.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[데슬포토마쿨룸 쿠즈네초비이 DSM 6115]
- 96 ZP_08778308.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 [칸디다투스 오디셀라 테살로니센시스
L13]

[0138]

- 97 [ZP_06825719.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 SPB74]
>gb|EDY42267.2| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 SPB74]
- 98 [ZP_05293745.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 ATCC 51756] >gb|EET26367.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [아시디티오바실루스 칼두스 ATCC 51756]
- 99 [YP_480657.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [프랑키아 종 CcI3] >gb|ABD10928.1| 헬리카제 RecD/TraA [프랑키아 종 CcI3]
- 100 [ZP_07017628.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬폰아트로나스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1] >gb|EFI33504.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬폰아트로나스피라 티오디스뮤탄스 ASO3-1]
- 101 [YP_379155.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 클로로크로마티이 CaD3] >gb|ABB28112.1| 헬리카제 RecD/TraA [클로로비움 클로로크로마티이 CaD3]
- 102 [YP_004897355.1](#) 헬리카제 [아시다미노코쿠스 인테스티니 RyC-MR95] >gb|AEQ23215.1| 헬리카제 [아시다미노코쿠스 인테스티니 RyC-MR95]
- 103 [ZP_03311944.1](#) 가설 단백질 DESPIG_01864 [테슬포비브리오 피게르 ATCC 29098] >gb|EEB33267.1| 가설 단백질 DESPIG_01864 [테슬포비브리오 피게르 ATCC 29098]
- 104 [YP_004783252.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3] >gb|AEM46926.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3]
- 105 [ZP_03928493.1](#) 헬리카제 [아시다미노코쿠스 종 D21] >gb|EEH89723.1| 헬리카제 [아시다미노코쿠스 종 D21]
- 106 [ZP_06530901.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 리비단스 TK24] >gb|EFD69151.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 리비단스 TK24]
- 107 [ZP_01667371.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모시누스 카르복시디보란스 Nor1] >gb|EAX46825.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모시누스 카르복시디보란스 Nor1]
- 108 [ZP_08942446.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970] >gb|EGZ54636.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
- 109 [NP_626969.1](#) 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 코엘리콜로르 A3(2)] >emb|CAB66276.1| 추정 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 코엘리콜로르 A3(2)]
- 110 [ADU73817.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 썬모셀름 DSM 1313]
- 111 [YP_001157093.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [살리니스포라 트로피카 CNB-440] >gb|ABP52715.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [살리니스포라 트로피카 CNB-440]
- 112 [ZP_02929767.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [배루코미크로비움 스피노숨 DSM 4136]
- 113 [ZP_08455023.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Tu6071] >gb|EGJ77252.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Tu6071]
- 114 [YP_003022840.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 종 M21] >gb|ACT19082.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 종 M21]
- 115 [YP_003549103.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [코랄리오마르가리타 아카지멘시스 DSM 45221] >gb|ADE54933.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [코랄리오마르가리타 아카지멘시스 DSM 45221]
- 116 [YP_001530229.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3] >gb|ABW68152.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포코쿠스

[0139]

- 117 YP_004461132.1 올레오보란스 Hxd3]
헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테피다나에로박터 종 Rel]
>gb|AEE91825.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테피다나에로박터 종 Rel]
- 118 ZP_08943153.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
>gb|EGZ54097.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
- 119 ZP_06560617.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 게노모종 유형_1 균주 28L] >ref|ZP_08542183.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 종 UPII 199-6] >gb|EFD93476.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 게노모종 유형_1 균주 28L] >gb|EGL41366.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 종 UPII 199-6]
- 120 YP_002138036.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 베미드지엔시스 Bem]
>gb|ACH38240.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 베미드지엔시스 Bem]
- 121 YP_001300657.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [박테로이테스 불가투스 ATCC 8482] >gb|ABR41035.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [박테로이테스 불가투스 ATCC 8482]
- 122 ZP_07303897.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 비리도크로모게네스 DSM 40736] >gb|EFL32266.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 비리도크로모게네스 DSM 40736]
- 123 YP_003399141.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시다미노코쿠스 페르멘탄스 DSM 20731] >gb|ADB47826.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시다미노코쿠스 페르멘탄스 DSM 20731]
- 124 YP_389216.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20] >gb|ABB39521.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 125 ZP_01085074.1 헬리카제 RecD/TraA [시네코코쿠스 종 WH 5701] >gb|EAQ75130.1| 헬리카제 RecD/TraA [시네코코쿠스 종 WH 5701]
- 126 ZP_07271541.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 종 SPB78] >ref|ZP_07977252.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 SA3_actG] >gb|EFK99909.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 종 SPB78]
- 127 ZP_02731419.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [젬마타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 128 ZP_08287369.1 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 그리세오아우란티아쿠스 M045] >gb|EGG46733.1| 테옥시리보뉴클레아제 [스트렙토미세스 그리세오아우란티아쿠스 M045]
- 129 CBX27215.1 가설 단백질 N47_A12440 [비배양 테슬포박테리움 종]
- 130 YP_001530553.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3] >gb|ABW68476.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포코쿠스 올레오보란스 Hxd3]
- 131 ZP_06707995.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 e14] >gb|EFF91117.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 종 e14]
- 132 ZP_06917215.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 스비세우스 ATCC 29083] >gb|EDY54316.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 스비세우스 ATCC 29083]
- 133 YP_002955020.1 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1] >dbj|BAH77134.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질

[0140]

- [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1]
- 134 [ZP_07985895.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 SA3_actF]
- 135 [YP_003103858.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [악티노신네마 미륨 DSM 43827]
>gb|ACU40012.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [악티노신네마 미륨 DSM 43827]
- 136 [YP_001826337.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 그리세우스 아종 그리세우스 NBRC 13350] >ref|ZP_08238532.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 cf. 그리세우스 XylebKG-1]
>dbj|BAG21654.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 그리세우스 아종 그리세우스 NBRC 13350] >gb|EGE44446.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 그리세우스 XylebKG-1]
- 137 [NP_826506.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 아베르미틸리스 MA-4680] >dbj|BAC73041.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 아베르미틸리스 MA-4680]
- 138 [ZP_01048465.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 종 Nb-311A] >gb|EAQ33584.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 종 Nb-311A]
- 139 [YP_003761194.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 왓소나이 C-113] >gb|ADJ28873.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [니트로소코쿠스 왓소나이 C-113]
- 140 [YP_003681742.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [노카르디옉시스 다손빌레이 아종 다손빌레이 DSM 43111] >gb|ADH69236.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [노카르디옉시스 다손빌레이 아종 다손빌레이 DSM 43111]
- 141 [ZP_08944617.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970] >gb|EGZ52593.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [티오로도비브리오 종 970]
- 142 [ZP_08803068.1](#) DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 진시레스스텐스 K42] >gb|EGX59991.1| DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 진시레스스텐스 K42]
- 143 [ZP_07740397.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아미노모나스 파우시보란스 DSM 12260] >gb|EFQ24286.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아미노모나스 파우시보란스 DSM 12260]
- 144 [YP_003250238.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피프로박터 숙시노게네스 아종 숙시노게네스 S85] >gb|ACX75756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피프로박터 숙시노게네스 아종 숙시노게네스 S85]
- 145 [ZP_01903329.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [로세오박터 종 AzwK-3b] >gb|EDM71427.1| 헬리카제 RecD/TraA [로세오박터 종 AzwK-3b]
- 146 [ZP_03641678.1](#) 가설 단백질 BACCOPRO_00005 [박테로이데스 코프로필루스 DSM 18228] >gb|EEF74546.1| 가설 단백질 BACCOPRO_00005 [박테로이데스 코프로필루스 DSM 18228]
- 147 [ZP_06578909.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 가나엔시스 ATCC 14672] >gb|EFE69370.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 가나엔시스 ATCC 14672]
- 148 [YP_004652609.1](#) 단백질 yrrC [파라클라미디아 아칸타모에바에 UV7] >emb|CCB86755.1| 비특정화 단백질 yrrC [파라클라미디아 아칸타모에바에 UV7]
- 149 [ZP_06299454.1](#) 가설 단백질 pah_c032o017 [파라클라미디아 아칸타모에바에 균주 홀스 코쿠스] >gb|EFB41460.1| 가설 단백질 pah_c032o017 [파라클라미디아 아칸타모에바에 균주 홀스 코쿠스]
- 150 [YP_001771030.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 종 4-46] >gb|ACA18596.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움 종 4-46]
- 151 [ZP_08291769.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미도필라 프시타시 Cal10] >ref|YP_004422478.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파

[0141]

- [클라미도필라 프시타시 6BC] >emb|CBY17152.1| 추정
 엑소테옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 프시타시 RD1]
 >gb|ADZ18584.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파
 [클라미도필라 프시타시 6BC] >gb|EGF84532.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미도필라 프시타시 Cal10]
 >gb|AEB55661.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라
 프시타시 6BC] >gb|AEG85682.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시 C19/98] >gb|AEG86657.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시
 01DC11] >gb|AEG87635.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛
 알파 [클라미도필라 프시타시 02DC15] >gb|AEG88608.1|
 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라 프시타시
 08DC60]
 152 CCB74558.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 카를레야 NRRL 8057]
 153 ZP_08077054.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파스콜락토박테리움 종 YIT 12067]
 >gb|EFY04168.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파스콜락토박테리움
 종 YIT 12067]
 154 ZP_07297625.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토미세스 히그로스코피쿠스
 ATCC 53653] >gb|EFL25994.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
 [스트렙토미세스 히마스타티니쿠스 ATCC 53653]
 155 ZP_08030087.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 아르테미디스 F0399]
 >gb|EFW30515.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스
 아르테미디스 F0399]

[0142]

- 156 [YP_003300321.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모모노스포라 쿠르바타 DSM 43183]
>gb|ACY98283.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모모노스포라 쿠르바타 DSM 43183]
- 157 [YP_001535192.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [살리니스포라 아레니콜라 CNS-205]
>gb|ABV96201.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [살리니스포라 아레니콜라 CNS-205]
- 158 [NP_829514.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클라미도필라 카비아에 GPIC]
>gb|AAP05392.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라 카비아에 GPIC]
- 159 [ZP_08843685.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포비브리오 중 6_1_46AFAA]
>gb|EGW50561.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [테슬포비브리오 중 6_1_46AFAA]
- 160 [ZP_07331538.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 프록토소보란스 JJ]
>gb|EFL52965.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 프록토소보란스 JJ]
- 161 [YP_003491438.1](#) DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 스카비아에 87.22]
>emb|CBG72898.1| 추정 DNA-결합 단백질 [스트렙토미세스 스카비아에 87.22]
- 162 [ZP_08073657.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로시스티스 중 ATCC 49242]
>gb|EFX98756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로시스티스 중 ATCC 49242]
- 163 [ZP_07829281.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 중 오랄 탁손 137 균주 F0430]>gb|EFR41310.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 중 오랄 탁손 137 균주 F0430]
- 164 [YP_899880.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
>gb|ABK97822.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [펠로박터 프로피오니쿠스 DSM 2379]
- 165 [YP_343034.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [니트로소코쿠스 오세아니 ATCC 19707]
>gb|ABA57504.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로소코쿠스 오세아니 ATCC 19707]
- 166 [YP_004817633.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 비올라세우스니게르 Tu 4113]>gb|AEM87353.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토미세스 비올라세우스니게르 Tu 4113]
- 167 [BAJ31218.1](#) 추정 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [키타사토스포라 세타에 KM-6054]
- 168 [YP_578071.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 함부르겐시스 X14]
>gb|ABE63611.1| 헬리카제 RecD/TraA [니트로박터 함부르겐시스 X14]
- 169 [ZP_01873510.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [렌티스파에라 아라네오사 HTCC2155]>gb|EDM29114.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [렌티스파에라 아라네오사 HTCC2155]
- 170 [EFE27709.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [필리팩터 알로시스 ATCC 35896]
- 171 [YP_220018.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 아보르투스 S26/3]
>emb|CAH64067.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 [클라미도필라 아보르투스 S26/3]
- 172 [ZP_07327131.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
>gb|EFL61586.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
- 173 [YP_002480862.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 테슬푸리칸스 아종 테슬푸리칸스 균주 ATCC 27774]>gb|ACL50184.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 테슬푸리칸스 아종 테슬푸리칸스

[0143]

- 174 [EGK69360.1](#) 균주 ATCC 27774]
추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미도필라
아보르투스 LLG]
- 175 [YP_001967390.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [리케치아 모나센시스] >gb|ABQ85878.1|
헬리카제 RecD/TraA [리케치아 모나센시스]
- 176 [ZP_03754577.1](#) 가설 단백질 ROSEINA2194_03004 [로세부리아 이놀리니보란스 DSM
16841] >gb|EEG93135.1| 가설 단백질 ROSEINA2194_03004
[로세부리아 이놀리니보란스 DSM 16841]
- 177 [ZP_04608382.1](#) 헬리카제 [미크로모노스포라 중 ATCC 39149] >gb|EEP74312.1|
헬리카제 [미크로모노스포라 중 ATCC 39149]
- 178 [YP_001509194.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [프란키아 중 EAN1pec]
>gb|ABW14288.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프란키아 중
EAN1pec]
- 179 [ZP_06771382.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064] >ref|ZP_08215844.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
[스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC 27064] >gb|EFG06981.1|
엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064]
- 180 [ZP_08838047.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 중 4_1_30] >gb|EGW42429.1|
RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 중 4_1_30]
- 181 [CBE67477.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [NC10 박테리움 '더치 세디먼트(Dutch
sediment)']
- 182 [YP_001950493.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 로블레이 SZ]
>gb|ACD93973.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 로블레이
SZ]
- 183 [ZP_02192076.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움 BAL199]
>gb|EDP61161.1| 헬리카제 RecD/TraA [알파 프로테오박테리움
BAL199]
- 184 [ZP_07943852.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 와즈위티아 3_1_6]
>gb|EFV44975.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [빌로필라 와즈위티아
3_1_6]
- 185 [YP_003652363.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩모비스포라 비스포라 DSM 43833]
>gb|ADG88470.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썩모비스포라
비스포라 DSM 43833]
- 186 [ZP_05005893.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC
27064] >gb|EDY50192.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
[스트렙토미세스 클라블리게루스 ATCC 27064]
- 187 [ZP_05065242.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터 안타르크티쿠스 238]
>gb|EDY90481.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [옥타데카박터
안타르크티쿠스 238]
- 188 [CBL24549.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 오베움 A2-162]
- 189 [YP_002499923.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [메틸로박테리움 노둘란스 ORS 2060]
>gb|ACL59620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메틸로박테리움
노둘란스 ORS 2060]
- 190 [YP_002432033.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파티바실룸 알케니보란스 AK-01]
>gb|ACL04565.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파티바실룸
알케니보란스 AK-01]
- 191 [ZP_07286835.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [스트렙토미세스 중 C]
>gb|EFL15204.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛
[스트렙토미세스 중 C]
- 192 [YP_001105553.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라 에리트라에아 NRRL 2338]
>ref|ZP_06564045.1| 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라
에리트라에아 NRRL 2338] >emb|CAM02628.1| 헬리카제 RecD/TraA

[0144]

- [사카로폴리스포라 에리트라에아 NRRL 2338]
- 193 [YP_003639317.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬민콜라 중 JR] >gb|ADG81416.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬민콜라 포텐스 JR]
- 194 [CBK63520.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [알리스티페스 샤히이 WAL 8301]
- 195 [ZP_07940306.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [박테로이데스 중 4_1_36] >gb|EFV24451.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [박테로이데스 중 4_1_36]
- 196 [ZP_08905541.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [데술포비브리오 중 FW1012B]
- 197 [CBL07724.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 M50/1] >emb|CBL13740.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 XB6B4]
- 198 [ZP_03729282.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테티오박터 알칼리필루스 AHT 1] >gb|EEG77838.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테티오박터 알칼리필루스 AHT 1]
- 199 [YP_001220283.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 크립툼 JF-5] >ref|YP_004277111.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아시디필리움 멀티보룸 AIU301] >gb|ABQ29141.1| ATP- 의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디필리움 크립툼 JF-5] >dbj|BAJ82969.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아시디필리움 멀티보룸 AIU301]
- 200 [ZP_05382244.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D(s)2923] >gb|ADH20489.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 E/11023]
- 201 [YP_001654372.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 434/Bu] >ref|YP_001653384.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [클라미디아 트라코마티스 L2b/UCH-1/직장염] >ref|ZP_05380402.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 70] >ref|ZP_05381326.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 70s] >ref|ZP_07223747.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2tet1] >ref|YP_004717157.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2c] >emb|CAP03727.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 434/Bu] >emb|CAP06681.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2b/UCH-1/직장염] >emb|CBJ14548.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 스웨덴 2] >gb|ADH16796.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 E/150] >gb|AEJ77066.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 L2c]
- 202 [ZP_04743359.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 L1-82] >gb|EEV01564.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [로세부리아 인테스티날리스 L1-82]
- 203 [ZP_08626355.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [아세토네마 룡균 DSM 6540] >gb|EGO62272.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [아세토네마 룡균 DSM 6540]
- 204 [YP_004197836.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 중 M18] >gb|ADW12560.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오박터 중 M18]
- 205 [ZP_06415577.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 EUN1f] >gb|EFC81619.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프랑키아 중 EUN1f]
- 206 [YP_001618568.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [소란기움 셀룰로솜 'So ce 56'] >emb|CAN98088.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [소란기움 셀룰로솜 'So ce 56']

[0145]

- 207 [ZP_05000079.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Mg1]
>gb|EDX24590.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 종 Mg1]
- 208 [ZP_05346027.3](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469] >gb|EET61165.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469]
- 209 [ADI10122.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 빙첸겐시스 BCW-1]
- 210 [YP_001220030.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
>gb|ABQ28888.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
- 211 [YP_515278.1](#) ATP-의존성 dsDNA/ssDNA 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 [클라미도필라 펠리스 Fe/C-56] >dbj|BAE81133.1| ATP-의존성 dsDNA/ssDNA 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 [클라미도필라 펠리스 Fe/C-56]
- 212 [ZP_04658601.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [셀레노모나스 플루에게이 ATCC 43531] >gb|EEQ49011.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [셀레노모나스 플루에게이 ATCC 43531]
- 213 [YP_002887661.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/Jali20/OT] >emb|CAX10479.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/Jali20/OT]
- 214 [ADH17723.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/9768] >gb|ADH19570.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/11074] >gb|ADH96666.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/9301]

[0146]

- 215 [YP_327831.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A/HAR-13] >ref[YP_002888536.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/TZ1A828/OT] >gb|AAX50283.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A/HAR-13] >emb[CAX09585.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 B/TZ1A828/OT] >gb|AEP34839.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 A2497]
- 216 [ZP_06604245.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 녹시아 ATCC 43541] >gb|EFF65412.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 녹시아 ATCC 43541]
- 217 [YP_004819301.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 위에켈리 Rt8.B1] >gb|AEM78017.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 위에켈리 Rt8.B1]
- 218 [ZP_05353404.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 6276] >ref[ZP_05358380.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 6276s]
- 219 [YP_003340096.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021] >gb|ACZ87353.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021]
- 220 [YP_003965592.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [파에니바실루스 폴리믹사 SC2] >gb|ADO59524.1| 헬리카제 RecD/TraA [파에니바실루스 폴리믹사 SC2]
- 221 [CCA55822.1](#) RecD DNA 헬리카제 YrrC [스트렙토미세스 베네주엘라에 ATCC 10712]
- 222 [NP_296681.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg] >ref[ZP_06194486.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg] >ref[ZP_06195417.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Weiss] >ref[ZP_07224690.1] 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 MopnTet14] >gb|AAF39167.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛 [클라미디아 뮤리다룸 Nigg]
- 223 [YP_001126584.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [게오바실루스 썬모테니트리피칸스 NG80-2] >ref[ZP_03148778.1] 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬 G11MC16] >gb|ABO67839.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [게오바실루스 썬모테니트리피칸스 NG80-2] >gb|EDY05033.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬 G11MC16]
- 224 [YP_004584034.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [다티스카 글로메라타의 프란키아 공생체] >gb|AEH10113.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [다티스카 글로메라타의 프란키아 공생체]
- 225 [ZP_08710208.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 중 UPII 135-E] >gb|EGS36731.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 중 UPII 135-E]
- 226 [NP_219535.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D/UW-3/CX] >gb|AAC67623.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 [클라미디아 트라코마티스 D/UW-3/CX] >gb|ADH18643.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 G/11222] >gb|ADI50710.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D-EC] >gb|ADI51722.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클라미디아 트라코마티스 D-LC]

[0147]

- 227 [ZP_05899746.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >ref|YP_004412788.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >gb|EEX76180.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185] >gb|AEB99328.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [셀레노모나스 스푸티게나 ATCC 35185]
- 228 [ZP_08502002.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [센티페다 페리오돈티아 DSM 2778] >gb|EGK59409.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [센티페다 페리오돈티아 DSM 2778]
- 229 [ZP_06590805.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 알부스 J1074] >gb|EFE81266.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토미세스 알부스 J1074]
- 230 [YP_003116724.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테놀리스포라 아시디필라 DSM 44928] >gb|ACU74883.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테놀리스포라 아시디필라 DSM 44928]
- 231 [YP_002953905.1](#) 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1] >dbj|BAH76019.1| 헬리카제 RecD/TraA 패밀리 단백질 [테슬포비브리오 마그네티쿠스 RS-1]
- 232 [ZP_06250970.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 코프리 DSM 18205] >gb|EFB36778.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프레보텔라 코프리 DSM 18205]
- 233 [ZP_08634959.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 종 PM] >gb|EGO93242.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아시디필리움 종 PM]
- 234 [YP_846029.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [신트로포박터 푸마록시단스 MPOB] >gb|ABK17594.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [신트로포박터 푸마록시단스 MPOB]
- 235 [YP_003476334.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 이탈리아쿠스 Ab9] >gb|ADD01772.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 이탈리아쿠스 Ab9]
- 236 [YP_001665762.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 슈테타놀리쿠스 ATCC 33223] >ref|YP_004186752.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 브룩키아 아중 핀나이 Ako-1] >gb|ABY95426.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 슈테타놀리쿠스 ATCC 33223] >gb|ADV80369.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 브룩키아 아중 핀나이 Ako-1]
- 237 [YP_001662092.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 종 X514] >ref|ZP_07130620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X561] >ref|YP_003903434.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 종 X513] >gb|ABY91756.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X514] >gb|EFK85133.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X561] >gb|ADN54143.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 종 X513]
- 238 [ZP_01462693.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1] >gb|EAU66533.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1]
- 239 [ZP_07396437.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 종 오랄 탁손 149 균주 67H29BP] >gb|EFM24160.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [셀레노모나스 종 오랄 탁손 149 균주 67H29BP]
- 240 [ZP_08211163.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 에타놀리쿠스 JW 200] >gb|EGD52738.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박터 에타놀리쿠스 JW 200]
- 241 [YP_003953494.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 v 알파 쇠 [스티그마텔라 아우란티아카

[0148]

- DW4/3-1] >gb|ADO71667.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쉐
[스티그마텔라 아우란티아카 DW4/3-1]
- 242 [YP_003676322.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [썬모안아에로박터 마트라니이 아종
마트라니이 균주 A3] >gb|ADH60311.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[썬모안아에로박터 마트라니이 아종 마트라니이 균주 A3]
- 243 [YP_003252104.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 Y412MC61]
>ref|YP_004133119.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스
중 Y412MC52] >gb|ACX77622.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[게오바실루스 중 Y412MC61] >gb|ADU94976.1| 헬리카제,
RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 Y412MC52]
- 244 [YP_001918465.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [나트라나에로비우스 썬모필루스
JW/NM-WN-LF] >gb|ACB85877.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[나트라나에로비우스 썬모필루스 JW/NM-WN-LF]
- 245 [ZP_08880276.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [사카로폴리스포라 스피노사 NRRL 18395]
- 246 [ZP_03991439.1](#) 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [오리박테리움
시누스 F0268] >gb|EEJ51318.1| 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V
알파 서브유닛 [오리박테리움 시누스 F0268]
- 247 [AAG23283.1](#) 개연적 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [사카로폴리스포라 스피노사]
- 248 [YP_148414.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V [게오바실루스 카우스토피루스
HTA426] >dbj|BAD76846.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V
[게오바실루스 카우스토피루스 HTA426]
- 249 [YP_714380.1](#) 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [프란키아 알니 ACN14a]
>emb|CAJ62828.1| 추정 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [프란키아 알니
ACN14a]
- 250 [CAJ74974.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 유사 [칸디다투스
쿠에네니아 스투트가르티엔시스]
- 251 [YP_001936773.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [오리엔티아 츠즈가무시
균주 이케다] >dbj|BAG39539.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파
서브유닛 [오리엔티아 츠즈가무시 균주 이케다]
- 252 [YP_001248319.1](#) 헬리카제 RecD/TraA, ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
[오리엔티아 츠즈가무시 균주 보령] >emb|CAM79461.1| 헬리카제
RecD/TraA, ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
[오리엔티아 츠즈가무시 균주 보령]
- 253 [YP_004377643.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클라미도필라 페코룸 E58]
>gb|AEB41940.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클라미도필라
페코룸 E58]
- 254 [CBL20603.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 중 SR1/5]
- 255 [YP_004421448.1](#) 헬리카제 RecD/TraA [칸디다투스 리케치아 암블리움미이 AaR/SC]
>gb|AEC46362.1| 헬리카제 RecD/TraA [칸디다투스 리케치아
암블리움미이 AaR/SC]
- 256 [ZP_04857179.1](#) 보존된 가설 단백질 [루미노코쿠스 중 5_1_39B_FAA]
>gb|EES76872.1| 보존된 가설 단백질 [루미노코쿠스 중
5_1_39BFAA]
- 257 [YP_003670549.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중 C56-T3]
>gb|ADI25972.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 중
C56-T3]
- 258 [YP_003824777.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모세디미니박터 오세아니 DSM
16646] >gb|ADL07154.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[썬모세디미니박터 오세아니 DSM 16646]
- 259 [ZP_08812773.1](#) 가설 단백질 DOT 4190 [테슬포스포로시누스 중 OT]
>gb|EGW37924.1| 가설 단백질 DOT_4190 [테슬포스포로시누스 중
OT]
- 260 [ZP_07757395.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 마이크로누시포르미스

[0149]

- F0359]>gb|EFQ04462.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [메가스파에라 미크로누시포르미스 F0359]
- 261 [ZP_08131496.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 D5]
>gb|EGB91345.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 D5]
- 262 [ZP_04698234.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [익소테스 스카폴라리스의 리케치아 내공생체]>gb|EER20781.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [익소테스 스카폴라리스의 리케치아 내공생체]
- 263 [AEH95290.1](#) 추정 헬리카제 [아플리시나 아에로포바 박테리아 공생체 클론 AANRPS]
- 264 [YP_002464026.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아그레간스 DSM 9485]>gb|ACL25590.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[클로로플렉투스 아그레간스 DSM 9485]
- 265 [YP_461625.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [신티로푸스 아시디트로피쿠스 SB]>gb|ABC77457.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [신티로푸스 아시디트로피쿠스 SB]
- 266 [YP_010116.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [데솔포비브리오 불가리스 균주 헐든버러]>ref|YP_967532.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
[데솔포비브리오 불가리스 DP4]>gb|AAS95375.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 균주 헐든버러]
>gb|ABM29105.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포비브리오 불가리스 DP4]>gb|ADP85989.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[데솔포비브리오 불가리스 RCH1]
- 267 [YP_001634449.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로로플렉투스 아우란티아쿠스 J-10-fl]>ref|YP_002568642.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[클로로플렉투스 종 Y-400-fl]>gb|ABY34060.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 아우란티아쿠스 J-10-fl]
>gb|ACM52316.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로로플렉투스 종 Y-400-fl]
- 268 [YP_004371330.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포바카 아세톡시단스 DSM 11109]
>gb|AEB10149.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [데솔포바카 아세톡시단스 DSM 11109]
- 269 [ZP_02432140.1](#) 가설 단백질 CLOSCI_02385 [클로스트리디움 신텐스 ATCC 35704]
>gb|EDS06436.1| 가설 단백질 CLOSCI_02385 [클로스트리디움 신텐스 ATCC 35704]
- 270 [YP_001546377.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [헤르페토시폰 아우란티아쿠스 DSM 785]>gb|ABX06249.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [헤르페토시폰 아우란티아쿠스 DSM 785]
- 271 [ZP_01995753.1](#) 가설 단백질 DORLON_01748 [도레아 롱기카테나 DSM 13814]
>gb|EDM62932.1| 가설 단백질 DORLON_01748 [도레아 롱기카테나 DSM 13814]
- 272 [ZP_08602931.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_57FAA]>gb|EGN37157.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
[라크노스피라세아에 박테리움 5_1_57FAA]
- 273 [YP_003409821.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오더마토피루스 오브스큐루스 DSM 43160]>gb|ADB75450.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[게오더마토피루스 오브스큐루스 DSM 43160]

[0150]

- 274 [YP_004839529.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [로세부리아 호미니스 A2-183]
>gb|AEN97597.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [로세부리아 호미니스 A2-183]
- 275 [ZP_08864377.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 종 A2]
>gb|EGY27050.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 종 A2]
- 276 [ZP_05733053.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [디알리스터 인비수스 DSM 15470]
>gb|EEW96489.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [디알리스터 인비수스 DSM 15470]
- 277 [YP_003270118.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [할리안기움 오크라세움 DSM 14365]
>gb|ACY18225.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [할리안기움 오크라세움 DSM 14365]
- 278 [YP_001717534.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칸다다투스 테슬포루디스 아우탁스비아토르 MP104C] >gb|ACA59902.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칸다다투스 테슬포루디스 아우탁스비아토르 MP104C]
- 279 [YP_003317021.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬마나에로비브리오 아시다미노보란스 DSM 6589] >gb|ACZ18739.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬마나에로비브리오 아시다미노보란스 DSM 6589]
- 280 [NP_622165.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [썬모안아에로박터 텡코겐시스 MB4] >gb|AAM23769.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [썬모안아에로박터 텡코겐시스 MB4]
- 281 [ZP_05346627.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469] >gb|EET60596.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [브리안텔라 포르마텍시겐스 DSM 14469]
- 282 [ZP_04451325.1](#) 가설 단백질 GCWU000182_00609 [아비오토로피아 테펙티바 ATCC 49176] >gb|EEP26742.1| 가설 단백질 GCWU000182_00609 [아비오토로피아 테펙티바 ATCC 49176]
- 283 [NP_623674.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [썬모안아에로박터 텡코겐시스 MB4] >gb|AAM25278.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [썬모안아에로박터 텡코겐시스 MB4]
- 284 [ZP_02037832.1](#) 가설 단백질 BACCAP_03451 [박테로이데스 카펠로수스 ATCC 29799] >gb|EDM98649.1| 가설 단백질 BACCAP_03451 [박테로이데스 카펠로수스 ATCC 29799]
- 285 [EGS35366.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 SY403409CC001050417]
- 286 [ZP_05092205.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카르복시디브라키움 파시피쿰 DSM 12653] >gb|EEB75911.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카르복시디브라키움 파시피쿰 DSM 12653]
- 287 [ZP_08419913.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [루미노코카세아에 박테리움 D16] >gb|EGJ46860.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [루미노코카세아에 박테리움 D16]
- 288 [YP_001692807.1](#) ATP-의존성 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 알파 [피네폴디아 마그나 ATCC 29328] >dbj|BAG08917.1| ATP-의존성 엑소테옥시리보뉴클레아제 알파 서브유닛 [피네폴디아 마그나 ATCC 29328]
- 289 [ZP_07268899.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 ACS-171-V-Col3] >gb|EFK93755.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 ACS-171-V-Col3]
- 290 [ZP_06598130.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 종 오랄 탁손 078 균주 F0262] >gb|EFE92376.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 종 오랄 탁손 078 균주 F0262]

[0151]

- 291 [YP_003807812.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075]
>gb|ADK85218.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075]
- 292 [ZP_02233368.1](#) 가설 단백질 DORFOR_00200 [도레아 포르미시게네란스 ATCC 27755] >gb|EDR48458.1| 가설 단백질 DORFOR_00200 [도레아 포르미시게네란스 ATCC 27755]
- 293 [ZP_02037912.1](#) 가설 단백질 BACCAP_03531 [박테로이데스 카펠로루스 ATCC 29799] >gb|EDM98729.1| 가설 단백질 BACCAP_03531 [박테로이데스 카펠로루스 ATCC 29799]
- 294 [ZP_07202886.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [델타 프로테오박테리움 NaphS2] >gb|EFK07799.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [델타 프로테오박테리움 NaphS2]
- 295 [YP_003152507.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보티이 DSM 20548] >gb|ACV28786.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보티이 DSM 20548]
- 296 [ZP_04861948.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 D 균주 1873] >gb|EES92440.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 D 균주 1873]
- 297 [ZP_07398794.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웬토니필루스 두에르테니이 ATCC BAA-1640] >gb|EFM26120.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웬토니필루스 두에르테니이 ATCC BAA-1640]
- 298 [YP_867272.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [마그네토코쿠스 중 MC-1] >gb|ABK45866.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [마그네토코쿠스 중 MC-1]
- 299 [YP_003852761.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 썬모사카로리티쿰 DSM 571] >gb|ADL69677.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 썬모사카로리티쿰 DSM 571]
- 300 [ZP_07959337.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 8_1_57FAA] >ref|ZP_08339014.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_46FAA] >ref|ZP_08618792.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_1_57FAA] >gb|EFV19583.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 8_1_57FAA] >gb|EGG82156.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_46FAA] >gb|EGN46450.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_1_57FAA]
- 301 [YP_004020312.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프란키아 중 Eu11c] >gb|ADP84442.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [프란키아 중 Eu11c]
- 302 [ZP_05055731.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움 DG1235] >gb|EDY80871.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움 DG1235]
- 303 [YP_002936648.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 렉탈레 ATCC 33656] >gb|ACR74514.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 렉탈레 ATCC 33656]
- 304 [ZP_02620578.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 C 균주 에클문드] >gb|EDS78262.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 C 균주 에클문드]
- 305 [CBK80090.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [코프로코쿠스 카투스 GD/7]
- 306 [ZP_08865335.1](#) 가설 단백질 DA2_1615 [테슬포비브리오 중 A2] >gb|EGY26242.1| 가설 단백질 DA2_1615 [테슬포비브리오 중 A2]
- 307 [YP_004309919.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427] >gb|ADZ84721.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]

[0152]

- 308 [YP_004471588.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 자일라놀리티쿰 LX-11] >gb|AEF17916.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [썬모안아에로박테리움 자일라놀리티쿰 LX-11]
- 309 [CBL21608.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 종 SR1/5]
- 310 [YP_003844493.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B] >ref|ZP_07631739.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B] >gb|ADL52729.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 셀룰로보란스 743B]
- 311 [ZP_07321245.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 BVS033A4] >gb|EFL54046.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [피네폴디아 마그나 BVS033A4]
- 312 [YP_699450.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 페르프린젠스 SM101] >gb|ABG87381.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린젠스 SM101]
- 313 [ZP_03781777.1](#) 가설 단백질 RUMHYD_01213 [블라우티아 히드로게노트로피카 DSM 10507] >gb|EEG49865.1| 가설 단백질 RUMHYD_01213 [블라우티아 히드로게노트로피카 DSM 10507]
- 314 [YP_002435820.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 불가리스 균주 '미야자키 F'] >gb|ACL08352.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 불가리스 균주 '미야자키 F']
- 315 [ZP_02042737.1](#) 가설 단백질 RUMGNA_03541 [루미노코쿠스 그나부스 ATCC 29149] >gb|EDN75918.1| 가설 단백질 RUMGNA_03541 [루미노코쿠스 그나부스 ATCC 29149]
- 316 [YP_004003526.1](#) 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 오웬센시스 OL] >gb|ADQ05726.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 오웬센시스 OL]
- 317 [ZP_04666257.1](#) 헬리카제 [클로스트리디알레스 박테리움 1_7_47_FAA] >gb|EEQ62058.1| 헬리카제 [클로스트리디알레스 박테리움 1_7_47FAA]
- 318 [YP_004025165.1](#) 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크로노즈키엔시스 2002] >gb|ADQ47346.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시움토르 크로노즈키엔시스 2002]
- 319 [YP_003937377.1](#) DNA-결합 단백질 [클로스트리디움 스틱클란다이 DSM 519] >emb|CBH22472.1| 추정 DNA-결합 단백질 [클로스트리디움 스틱클란다이]
- 320 [ZP_03777575.1](#) 가설 단백질 CLOHYLEM_04627 [클로스트리디움 힐레모나에 DSM 15053] >gb|EEG75397.1| 가설 단백질 CLOHYLEM_04627 [클로스트리디움 힐레모나에 DSM 15053]
- 321 [ZP_02089268.1](#) 가설 단백질 CLOBOL_06837 [클로스트리디움 볼테아에 ATCC BAA-613] >gb|EDP12917.1| 가설 단백질 CLOBOL_06837 [클로스트리디움 볼테아에 ATCC BAA-613]
- 322 [ZP_06946532.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [피네폴디아 마그나 ATCC 53516] >gb|EFH93297.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [피네폴디아 마그나 ATCC 53516]
- 323 [ZP_03762681.1](#) 가설 단백질 CLOSTASPAR_06723 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM 15981] >gb|EEG51243.1| 가설 단백질 CLOSTASPAR_06723 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM 15981]
- 324 [ZP_08933657.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웹토니필루스 인돌리쿠스 ATCC 29427] >gb|EGY80875.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [웹토니필루스 인돌리쿠스 ATCC 29427]
- 325 [YP_003759289.1](#) UvrD/REP 헬리카제 [데할로게니모나스 리칸트로포레펜스 BL-DC-9] >gb|ADJ26968.1| UvrD/REP 헬리카제 [데할로게니모나스

[0153]

- 리칸트로포레펠렌스 BL-DC-9]
- 326 ZP_02865223.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 C 균주 JGS1495] >gb|EDS79800.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 C 균주 JGS1495]
- 327 YP_002315104.1 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [아녹시바실루스 플라비썬무스 WK1] >gb|ACJ33119.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [아녹시바실루스 플라비썬무스 WK1]
- 328 YP_003820655.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리터쿰 WM1] >gb|ADL03032.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리터쿰 WM1]
- 329 NP_563091.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 균주 13] >ref|ZP_02639346.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 CPE 균주 F4969] >ref|ZP_02951709.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 D 균주 JGS1721] >dbj|BAB81881.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [클로스트리디움 페르프린겐스 균주 13] >gb|EDT27019.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 CPE 균주 F4969] >gb|EDT73168.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 D 균주 JGS1721]
- 330 ZP_02631593.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 E 균주 JGS1987] >gb|EDT15560.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 E 균주 JGS1987]
- 331 YP_754748.1 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [신티로포모난스 올페이 아종 올페이 균주 피팅겐] >gb|ABI69377.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V [신티로포모난스 올페이 아종 올페이 균주 피팅겐]
- 332 YP_002574552.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칼디셀룰로시쿰토르 베스시이 DSM 6725] >gb|ACM61779.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시쿰토르 베스시이 DSM 6725]

[0154]

- 333 [ZP_02641429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 NCTC 8239] >gb|EDT79540.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 NCTC 8239]
- 334 [YP_004121351.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2] >gb|ADU62605.1| ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬포비브리오 아에스포에넨시스 Aspo-2]
- 335 [EGC82456.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아나에로코쿠스 프레보터이 ACS-065-V-Col13]
- 336 [YP_004199699.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [게오박터 중 M18] >gb|ADW14423.1| ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [게오박터 중 M18]
- 337 [ZP_08616225.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_4_56FAA] >gb|EGN37403.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 1_4_56FAA]
- 338 [ZP_06113685.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479] >gb|EFC99908.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
- 339 [ZP_03799911.1](#) 가설 단백질 COPCOM_02174 [코프로코쿠스 코메스 ATCC 27758] >gb|EEG89195.1| 가설 단백질 COPCOM_02174 [코프로코쿠스 코메스 ATCC 27758]
- 340 [YP_003841513.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시룸토르 오브시디안시스 OB47] >gb|ADL43527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시룸토르 오브시디안시스 OB47]
- 341 [YP_004464342.1](#) RecD/TraA 패밀리 ATP-의존성 DNA 헬리카제 [마헬라 아우스트랄리엔시스 50-1 BON] >gb|AEE97520.1| ATP-의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [마헬라 아우스트랄리엔시스 50-1 BON]
- 342 [YP_696854.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 페르프린겐스 ATCC 13124] >ref|ZP_02635730.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 B 균주 ATCC 3626] >gb|ABG84528.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 ATCC 13124] >gb|EDT23956.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 페르프린겐스 B 균주 ATCC 3626]
- 343 [ZP_03167580.1](#) 가설 단백질 RUM_LAC_01253 [루미노코쿠스 락타리스 ATCC 29176] >gb|EDY32968.1| 가설 단백질 RUM_LAC_01253 [루미노코쿠스 락타리스 ATCC 29176]
- 344 [YP_847893.1](#) 가설 단백질 Sfum_3789 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB] >gb|ABK19458.1| 가설 단백질 Sfum_3789 [신티로포박터 푸마록시단스 MPOB]
- 345 [ZP_05430222.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 2360] >ref|ZP_06249816.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 JW20] >gb|EEU00921.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 2360] >gb|EFB38140.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 JW20] >gb|ADU75902.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 씨모셀룸 DSM 1313]
- 346 [ZP_02211142.1](#) 가설 단백질 CLOBAR_00740 [클로스트리디움 바르틀레티이 DSM 16795] >gb|EDQ97464.1| 가설 단백질 CLOBAR_00740 [클로스트리디움 바르틀레티이 DSM 16795]
- 347 [YP_388414.2](#) UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20] >gb|ABB38719.2| UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 348 [YP_003807790.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬파르쿨루스 바아르시이 DSM 2075] >gb|ADK85196.1| ATP-의존성 RecD/TraA

[0155]

- 349 YP_003993640.1 패밀리 DNA 헬리카제 [테슬라르클루스 바아르시이 DSM 2075]
헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시롭토르 히드로씨말리스 108]
>gb|ADQ08271.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시롭토르
히드로씨말리스 108]
- 350 YP_001038644.1 ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [클로스트리디움
썬모셀룸 ATCC 27405] >gb|ABN53451.1| 헬리카제, RecD/TraA
패밀리 [클로스트리디움 썬모셀룸 ATCC 27405]
- 351 ZP_06597516.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 078 균주
F0262] >gb|EFE93013.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움
중 오랄 탁손 078 균주 F0262]
- 352 YP_004799933.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼디셀룰로시롭토르 락토아세티쿠스
6A] >gb|AEM74956.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시롭토르 락토아세티쿠스 6A]
- 353 YP_001179036.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [칼디셀룰로시롭토르 사카로리티쿠스
DSM 8903] >gb|ABP65845.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시롭토르 사카로리티쿠스 DSM 8903]
- 354 ZP_03759537.1 가설 단백질 CLOSTASPAR_03561 [클로스트리디움
아스파라기포르메 DSM 15981] >gb|EEG54369.1| 가설 단백질
CLOSTASPAR_03561 [클로스트리디움 아스파라기포르메 DSM
15981]
- 355 ZP_04564978.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 V 알파 [폴리큐테스 박테리움
D7] >gb|EEO32408.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 서브유닛 V 알파
[코프로마실루스 중 D7]
- 356 YP_001557372.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 피토펬르멘탄스 ISDg]
>gb|ABX40633.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움
피토펬르멘탄스 ISDg]
- 357 ZP_02094462.1 가설 단백질 PEPMIC_01228 [파르비모나스 미크라 ATCC 33270]
>gb|EDP23424.1| 가설 단백질 PEPMIC_01228 [파르비모나스 미크라
ATCC 33270]
- 358 ZP_02428906.1 가설 단백질 CLORAM_02328 [클로스트리디움 라모숨 DSM 1402]
>gb|EDS17533.1| 가설 단백질 CLORAM_02328 [클로스트리디움
라모숨 DSM 1402]
- 359 ZP_07367500.1 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [페디오코쿠스
아시디락티시 DSM 20284] >gb|EFL96568.1|
엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [페디오코쿠스
아시디락티시 DSM 20284]
- 360 YP_004027603.1 헬리카제, recd/traa 패밀리 [칼디셀룰로시롭토르 크리스티안소나이
177R1B] >gb|ADQ41990.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[칼디셀룰로시롭토르 크리스티안소나이 177R1B]
- 361 ZP_02420394.1 가설 단백질 ANACAC_03011 [아나에로스티페스 카카에 DSM 14662]
>ref|ZP_07931518.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [아나에로스티페스
중 3_2_56FAA] >gb|EDR96388.1| 가설 단백질 ANACAC_03011
[아나에로스티페스 카카에 DSM 14662] >gb|EFV22263.1| RecD/TraA
패밀리 헬리카제 [아나에로스티페스 중 3_2_56FAA]
- 362 ZP_08707741.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베일로넬라 중 오랄 탁손 780 균주
F0422] >gb|EGS33427.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [베일로넬라 중
오랄 탁손 780 균주 F0422]
- 363 ZP_08532372.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼달칼리바실루스 썬마름 TA2.A1]
>gb|EGL83511.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [칼달칼리바실루스
썬마름 TA2.A1]
- 364 YP_003119362.1 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [카테눌리스포라 아시디필라 DSM
44928] >gb|ACU77521.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
[카테눌리스포라 아시디필라 DSM 44928]

[0156]

- 365 [YP_001821497.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [오피투투스 테라에 PB90-1]
>gb|ACB77897.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오피투투스 테라에 PB90-1]
- 366 [YP_003427313.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse V [바실루스 슈도피르무스 OF4]
>gb|ADC50421.1| ATP-의존성 엑소 DNAse V [바실루스 슈도피르무스 OF4]
- 367 [ZP_07036639.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 탁손 386 균주 F0131]>gb|EFI41783.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 탁손 386 균주 F0131]
- 368 [YP_004091069.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [에타놀리게넨스 하르비넨세 YUAN-3]
>gb|ADU26338.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [에타놀리게넨스 하르비넨세 YUAN-3]
- 369 [ZP_06197663.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [페디오코쿠스 아시디락티시 7_4]
>gb|EFA26123.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [페디오코쿠스 아시디락티시 7_4]
- 370 [ZP_06409626.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
>gb|EFD00750.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 하테와이 DSM 13479]
- 371 [ZP_08339411.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 2_1_46FAA]>gb|EGG82685.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 2_1_46FAA]
- 372 [YP_004883288.1](#) 추정 뉴클레아제 [오실리박터 발레리시게네스 Sjm18-20]
>dbj|BAL00783.1| 추정 뉴클레아제 [오실리박터 발레리시게네스 Sjm18-20]
- 373 [YP_004396914.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보톨리눔 BKT015925]
>gb|AEB76917.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 BKT015925]
- 374 [YP_002950456.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 WCH70]
>gb|ACS25190.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 WCH70]
- 375 [YP_387402.1](#) UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
>gb|ABB37707.1| UvrD/REP 헬리카제 [테슬포비브리오 알라스켄시스 G20]
- 376 [YP_002771377.1](#) 가설 단백질 BBR47_18960 [브레비바실루스 브레비스 NBRC 100599]
>dbj|BAH42873.1| 보존된 가설 단백질 [브레비바실루스 브레비스 NBRC 100599]
- 377 [ZP_01173819.1](#) YrrC [바실루스 종 NRRL B-14911]>gb|EAR63466.1| YrrC [바실루스 종 NRRL B-14911]
- 378 [ZP_02074502.1](#) 가설 단백질 CLOL250_01272 [클로스트리디움 종 L2-50]
>gb|EDO58134.1| 가설 단백질 CLOL250_01272 [클로스트리디움 종 L2-50]
- 379 [ZP_02951515.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 5521]
>ref|ZP_04526701.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 E4 균주 BoNT E BL5262]>gb|EDT73473.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 5521]>gb|EEP55470.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 부티리쿰 E4 균주 BoNT E BL5262]
- 380 [ZP_07326697.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
>gb|EFL61996.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아세티비브리오 셀룰로리티쿠스 CD2]
- 381 [ZP_08662208.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 종 오랄 탁손 056 균주 F0418]>gb|EGP66648.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 종 오랄 탁손 056 균주 F0418]

[0157]

- 382 [ZP_07709630.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 단백질 [바실루스 종 m3-13]
 383 [ZP_08151018.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움
 4_1_37FAA] >gb|EGC74634.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
 [라크노스피라세아에 박테리움 4_1_37FAA]
 384 [ZP_05855961.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [블라우티아 한세나이 DSM 20583]
 >gb|EEX20129.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [블라우티아 한세나이
 DSM 20583]
 385 [ZP_08333468.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움
 6_1_63FAA] >gb|EGG81209.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
 [라크노스피라세아에 박테리움 6_1_63FAA]
 386 [ZP_01967327.1](#) 가설 단백질 RUMTOR_00874 [루미노코쿠스 토르쿠에스 ATCC
 27756] >gb|EDK25071.1| 가설 단백질 RUMTOR_00874
 [루미노코쿠스 토르쿠에스 ATCC 27756]
 387 [ZP_07843612.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 아종
 호미니스 C80] >gb|EFS18629.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
 [스타필로코쿠스 호미니스 아종 호미니스 C80]
 388 [ZP_08335292.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움
 9_1_43BFAA] >gb|EGG85883.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제
 [라크노스피라세아에 박테리움 9_1_43BFAA]
 389 [YP_002425519.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [아지디티오바실루스 페로옥시단스
 ATCC 23270] >gb|ACK80668.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
 [아지디티오바실루스 페로옥시단스 ATCC 23270]
 390 [ZP_08074741.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [메틸로시스티스 종 ATCC 49242]
 >gb|EFX97601.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [메틸로시스티스 종
 ATCC 49242]
 391 [ZP_03288021.1](#) 가설 단백질 CLONEX_00200 [클로스트리디움 벡실레 DSM 1787]
 >gb|EEA83897.1| 가설 단백질 CLONEX_00200 [클로스트리디움
 벡실레 DSM 1787]

[0158]

- 392 [NP_349457.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 ATCC 824] >ref|YP_004637509.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 DSM 1731] >gb|AAK80797.1|AE007783_4 ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 ATCC 824] >gb|ADZ21898.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 EA 2018] >gb|AEI34320.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 서브유닛, RecD [클로스트리디움 아세토부틸리쿰 DSM 1731]
- 393 [YP_535621.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실루스 살리마리우스 UCC118] >gb|ABD99538.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실루스 살리마리우스 UCC118]
- 394 [YP_001514053.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [알칼리필루스 오렐란다이 OhILAs] >gb|ABW20057.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [알칼리필루스 오렐란다이 OhILAs]
- 395 [ZP_06059658.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 종 2_1_36FAA] >gb|EEY81040.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 종 2_1_36FAA]
- 396 [ZP_04059935.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 SK119] >gb|EEK12222.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 호미니스 SK119]
- 397 [AEN87514.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [바실루스 메가테리움 WSH-002]
- 398 [YP_003988429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y4.1MC1] >ref|YP_004587154.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [게오바실루스 썬모글루코시아시우스 C56-YS93] >gb|ADP73818.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 종 Y4.1MC1] >gb|AEH47073.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [게오바실루스 썬모글루코시아시우스 C56-YS93]
- 399 [NP_781026.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클로스트리디움 테타니 E88] >gb|AAO34963.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [클로스트리디움 테타니 E88]
- 400 [YP_004707292.1](#) 가설 단백질 CXIVA_02230 [클로스트리디움 종 SY8519] >dbj|BAK46190.1| 가설 단백질 CXIVA_02230 [클로스트리디움 종 SY8519]
- 401 [YP_003590771.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912] >gb|ADG07627.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
- 402 [ZP_03708405.1](#) 가설 단백질 CLOSTMETH_03166 [클로스트리디움 메틸펜토숨 DSM 5476] >gb|EEG29226.1| 가설 단백질 CLOSTMETH_03166 [클로스트리디움 메틸펜토숨 DSM 5476]
- 403 [ZP_07904646.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 사부레움 DSM 3986] >gb|EFU76460.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 사부레움 DSM 3986]
- 404 [ZP_08463854.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [테스모스포라 종 8437] >gb|EGK12279.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [테스모스포라 종 8437]
- 405 [YP_003339261.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021] >gb|ACZ86518.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V [스트렙토스포란기움 로세움 DSM 43021]
- 406 [ZP_07356412.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 종 3_1_syn3] >gb|EFL86816.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [테슬포비브리오 종

[0159]

- 3_1_syn3]
- 407 [YP_004310482.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]
>gb|ADZ85284.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 렌토셀룸 DSM 5427]
- 408 [YP_003565054.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 QM B1551]
>ref|YP_003599776.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 DSM 319] >gb|ADE71620.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 QM B1551] >gb|ADF41426.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 메가테리움 DSM 319]
- 409 [EGM50608.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리바리우스 GJ-24]
- 410 [ZP_07454758.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 유리아 아종 마르가레티아에 ATCC 43715] >gb|EFM38810.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [유박테리움 유리아 아종 마르가레티아에 ATCC 43715]
- 411 [CBL17987.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 종 18P13]
- 412 [ZP_03917092.1](#) 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아나에로코쿠스 락토리티쿠스 ATCC 51172] >gb|EEI85261.1| 가능한 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [아나에로코쿠스 락토리티쿠스 ATCC 51172]
- 413 [ZP_08757131.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파르비모나스 종 오랄 탁손 393 균주 F0440] >gb|EGV09654.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [파르비모나스 종 오랄 탁손 393 균주 F0440]
- 414 [EGL99465.1](#) recD-유사 DNA 헬리카제 YrrC [락토바실루스 살리바리우스 NIAS840]
- 415 [ZP_01725995.1](#) 가설 단백질 BB14905_09550 [바실루스 종 B14905] >gb|EAZ83487.1| 가설 단백질 BB14905_09550 [바실루스 종 B14905]
- 416 [YP_003590260.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
>gb|ADG07116.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 투시아에 DSM 2912]
- 417 [ZP_07206301.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리바리우스 ACS-116-V-Col5a] >gb|EFK79981.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [락토바실루스 살리바리우스 ACS-116-V-Col5a]
- 418 [YP_001680910.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠, RecD [헬리오박테리움 모데스티칼둠 Ice1] >gb|ABZ84899.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V, 알파 쇠, RecD [헬리오박테리움 모데스티칼둠 Ice1]
- 419 [YP_003821341.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
>gb|ADL03718.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 사카로리티쿰 WM1]
- 420 [ZP_08005791.1](#) YrrC 단백질 [바실루스 종 2_A_57_CT2] >gb|EFV77442.1| YrrC 단백질 [바실루스 종 2_A_57_CT2]
- 421 [YP_002560662.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [마크로코쿠스 카세올리티쿠스 JCSC5402] >dbj|BAH17966.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 상동체 [마크로코쿠스 카세올리티쿠스 JCSC5402]
- 422 [ZP_05028653.1](#) 가설 단백질 MC7420_1174 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420] >gb|EDX73378.1| 가설 단백질 MC7420_1174 [미크로콜레우스 크토노플라스테스 PCC 7420]
- 423 [CCC58043.1](#) RecD-유사 DNA 헬리카제 YrrC [칼로라마토르 아우스트랄리쿠스 RC3]
- 424 [YP_001699482.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [리시니바실루스 스파에리쿠스 C3-41] >gb|ACA41352.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V-유사 단백질 [리시니바실루스 스파에리쿠스 C3-41]
- 425 [ZP_02616886.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 Bf]
>ref|YP_002861039.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움

- 보툴리눔 Ba4 균주 657] >gb|EDT86566.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 Bf] >gb|ACQ54203.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 Ba4 균주 657]
- 426 [XP_001420006.1](#) 추정 단백질 [오스트레오코쿠스 루시마리누스 CCE9901] >gb|ABO98299.1| 추정 단백질 [오스트레오코쿠스 루시마리누스 CCE9901]
- 427 [YP_001779796.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 B1 균주 오크라] >gb|ACA44298.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 B1 균주 오크라]
- 428 [YP_001389532.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 F 균주 랑게란트] >gb|ABS40458.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 F 균주 랑게란트]
- 429 [ZP_02993715.1](#) 가설 단백질 CLOSPO_00789 [클로스트리디움 스포로게네스 ATCC 15579] >gb|EDU37972.1| 가설 단백질 CLOSPO_00789 [클로스트리디움 스포로게네스 ATCC 15579]
- 430 [ZP_01964108.1](#) 가설 단백질 RUMOB_01832 [루미노코쿠스 오베움 ATCC 29174] >gb|EDM87651.1| 가설 단백질 RUMOB_01832 [루미노코쿠스 오베움 ATCC 29174]
- 431 [ZP_03227028.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V [바실루스 코아후일렌시스 m4-4]
- 432 [YP_001252714.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 3502] >ref|YP_001382573.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 19397] >ref|YP_001386126.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 홀] >emb|CAL81722.1| 추정 DNA-상호작용 단백질 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 3502] >gb|ABS34000.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 ATCC 19397] >gb|ABS37455.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A 균주 홀]
- 433 [YP_001307573.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 베이에린키이 NCIMB 8052] >gb|ABR32617.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 베이에린키이 NCIMB 8052]
- 434 [ZP_08091201.1](#) 가설 단백질 HMPREF9474_02952 [클로스트리디움 심비오숨 WAL-14163] >gb|EGA93217.1| 가설 단백질 HMPREF9474_02952 [클로스트리디움 심비오숨 WAL-14163]
- 435 [CBZ01987.1](#) recd-유사 DNA 헬리카제 YrrC [클로스트리디움 보툴리눔 H04402 065]
- 436 [ZP_06620580.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 산구이니스 PC909] >ref|ZP_08168271.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 중 HGF1] >gb|EFF65067.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 산구이니스 PC909] >gb|EGC91394.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [투리시박터 중 HGF1]
- 437 [ZP_02612165.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 NCTC 2916] >gb|EDT83351.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 NCTC 2916]
- 438 [ZP_03464124.1](#) 가설 단백질 BACPEC_03225 [박테로이테스 팩티노필루스 ATCC 43243] >gb|EEC56716.1| 가설 단백질 BACPEC_03225 [박테로이테스 팩티노필루스 ATCC 43243]
- 439 [ZP_05427870.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 사페눔 ATCC 49989] >gb|EEU03537.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [유박테리움 사페눔 ATCC 49989]
- 440 [ZP_04819493.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W1] >gb|EES40075.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스

[0161]

- 441 [CBL16176.1](#) 에피타미디스 M23864:W1]
 442 [CBK73489.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [루미노코쿠스 브로미이 L2-63]
 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [부티리비브리오 피브리솔렌스 16/4]
 443 [XP_003081706.1](#) 데히드로게나제 키나제 (ISS) [오스트레오코쿠스 타우리]
 >emb|CAL56230.1| 데히드로게나제 키나제 (ISS) [오스트레오코쿠스 타우리]
 444 [ZP_06425429.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [Pepto 스트렙토코쿠스 아나에로비우스 653-L] >gb|EFD04662.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리
 [Pepto 스트렙토코쿠스 아나에로비우스 653-L]
 445 [ZP_08539226.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 108 균주 F0425] >gb|EGL37546.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [오리박테리움 중 오랄 탁손 108 균주 F0425]
 446 [ZP_04008608.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실러스 살리바리우스 ATCC 11741] >gb|EEJ74633.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [락토바실러스 살리바리우스 ATCC 11741]
 447 [ZP_08525848.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 안지노수스 SK52] >gb|EGL43884.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 안지노수스 SK52]
 448 [ZP_08245897.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 NCFD 2020] >gb|EGE54499.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 NCFD 2020]
 449 [ZP_06290581.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 라크리말리스 315-B] >gb|EFA90662.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 라크리말리스 315-B]
 450 [ZP_08680798.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스포로사르시나 뉴욕엔시스 2681] >gb|EGQ19222.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스포로사르시나 뉴욕엔시스 2681]

[0162]

- 451 [YP_002802482.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A2 균주 교토]>gb|ACO83762.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A2 균주 교토]
- 452 [YP_001449573.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스트렙토코쿠스 고르도니아 균주 칼리스 하위균주 CH1]>gb|ABV09553.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스트렙토코쿠스 고르도니아 균주 칼리스 하위균주 CH1]
- 453 [ZP_01862085.1](#) 가설 단백질 BSG1_18450 [바실루스 중 SG-1]>gb|EDL62855.1| 가설 단백질 BSG1_18450 [바실루스 중 SG-1]
- 454 [YP_001785497.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [클로스트리디움 보툴리눔 A3 균주 로호 마레에]>gb|ACA54654.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보툴리눔 A3 균주 로호 마레에]
- 455 [EFV89168.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [스타필로코쿠스 에피더미디스 FRI909]
- 456 [ZP_07956105.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_63FAA]>gb|EFV17076.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 5_1_63FAA]
- 457 [ZP_03055915.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 푸밀루스 ATCC 7061]>gb|EDW20741.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 푸밀루스 ATCC 7061]
- 458 [ZP_04797338.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 W23144]>gb|EES35980.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피더미디스 W23144]
- 459 [EGS77340.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU105]
- 460 [YP_004478259.1](#) 가설 단백질 STP_0139 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 KCTC 11537]>gb|AEF24587.1| 가설 단백질 STP_0139 [스트렙토코쿠스 파라우베리스 KCTC 11537]
- 461 [ZP_08605488.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_57FAA_CT1]>gb|EGN41968.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [라크노스피라세아에 박테리움 3_1_57FAA_CT1]
- 462 [ZP_08643227.1](#) 가설 단백질 BRLA_c44940 [브레비바실루스 라테로스포르스 LMG 15441]>gb|EGP32345.1| 가설 단백질 BRLA_c44940 [브레비바실루스 라테로스포르스 LMG 15441]
- 463 [ZP_06875615.1](#) DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지체니이 ATCC 6633]>ref|YP_003867004.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지체니이 균주 W23]>gb|EFG90256.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지체니이 ATCC 6633]>gb|ADM38695.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 스피지체니이 균주 W23]
- 464 [ZP_04678546.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 와르네리 L37603]>gb|EEQ79317.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 와르네리 L37603]
- 465 [ZP_06613101.1](#) 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W2(그레이)]>gb|EFE59825.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 에피더미디스 M23864:W2(그레이)]>gb|EGG71682.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU045]>gb|EGG73433.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU028]>gb|EGS79799.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피더미디스 VCU037]
- 466 [ZP_02441706.1](#) 가설 단백질 ANACOL_00987 [아에로트류쿠스 콜리호미니스 DSM 17241]>gb|EDS12144.1| 가설 단백질 ANACOL_00987

[0163]

- 467 [YP_188759.1](#) [아에로트룬쿠스 콜리호미니스 DSM 17241] RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 에피데미디스 RP62A] >ref|ZP_04825499.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피데미디스 BCM-HMP0060] >ref|ZP_06284822.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피데미디스 SK135] >gb|AAW54556.1| 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피데미디스 RP62A] >gb|EES58101.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 에피데미디스 BCM-HMP0060] >gb|EFA87507.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피데미디스 SK135] >gb|EGS80972.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피데미디스 VCU107]
- 468 [ZP_02440294.1](#) 가설 단백질 CLOSS21_02797 [클로스트리디움 종 SS2/1] >gb|EDS20344.1| 가설 단백질 CLOSS21_02797 [클로스트리디움 종 SS2/1]
- 469 [YP_001919909.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E3 균주 알라스카 E43] >gb|ACD51527.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E3 균주 알라스카 E43]
- 470 [YP_001884722.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 B 균주 에클룬드 17B] >gb|ACD22772.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 B 균주 에클룬드 17B]
- 471 [ZP_02039032.1](#) 가설 단백질 BACCAP_04681 [박테로이데스 카필로수스 ATCC 29799] >gb|EDM97537.1| 가설 단백질 BACCAP_04681 [박테로이데스 카필로수스 ATCC 29799]
- 472 [ZP_07093704.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 탁손 836 균주 F0141] >gb|EFK39645.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 종 오랄 탁손 836 균주 F0141]
- 473 [YP_001487615.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [바실루스 푸밀루스 SAFR-032] >gb|ABV63055.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [바실루스 푸밀루스 SAFR-032]
- 474 [NP_764857.1](#) 테옥시리보뉴클레아제 [스타필로코쿠스 에피데미디스 ATCC 12228] >gb|AAO04901.1|AE016748_135 테옥시리보뉴클레아제 [스타필로코쿠스 에피데미디스 ATCC 12228]
- 475 [YP_804665.1](#) ATP-의존성 RecD/TraA 패밀리 DNA 헬리카제 [페디오코쿠스 펜토사세우스 ATCC 25745] >gb|ABJ68223.1| ATP-의존성 DNA 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [페디오코쿠스 펜토사세우스 ATCC 25745]
- 476 [NP_942288.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [지네코시스티스 종 PCC 6803] >dbj|BAD02008.1| 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [지네코시스티스 종 PCC 6803]
- 477 [ZP_07054718.1](#) RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [리스테리아 그레이이 DSM 20601] >gb|EFI83599.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [리스테리아 그레이이 DSM 20601]
- 478 [EHA31059.1](#) 가설 단백질 BSSC8_15020 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 SC-8]
- 479 [CBL39055.1](#) 헬리카제, 추정, RecD/TraA 패밀리 [부티레이트-생산 박테리움 SSC/2]
- 480 [EGF05416.1](#) 엑소테옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1057]
- 481 [YP_003974155.1](#) 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 아트로파에우스 1942] >gb|ADP33224.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 아트로파에우스 1942]
- 482 [ZP_07822731.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 하레이 ACS-146-V-

[0164]

- Sch2b] >gb|EFR32349.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [웹토니필루스 하레이 ACS-146-V-Sch2b]
- 483 [ZP_06348052.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 M62/1] >gb|EFE10725.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 종 M62/1]
- 484 [ZP_05394746.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 카르복시디보란스 P7] >gb|EET84798.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 카르복시디보란스 P7]
- 485 [YP_004204562.1](#) 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 BSn5] >dbj|BAI86231.1| 가설 단백질 BSNT_03990 [바실루스 서브틸리스 아종 나토 BEST195] >gb|ADV93535.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프 단백질을 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 BSn5] >gb|AEP91738.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 RO-NN-1]
- 486 [EGG96535.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 에피테미디스 VCU121]
- 487 [YP_003471518.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 HKU09-01] >gb|ADC87391.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 쇠 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 HKU09-01] >emb|CCB53777.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 N920143]
- 488 [ZP_04820712.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E1 균주 'BoNT E 벨루가'] >gb|EES47997.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [클로스트리디움 보톨리눔 E1 균주 'BoNT E 벨루가']
- 489 [EGF05816.1](#) 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1] >gb|EGF22450.1| 엑소데옥시리보뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스트렙토코쿠스 산구이니스 SK1058]
- 490 [YP_002634323.1](#) 가설 단백질 Sca_1231 [스타필로코쿠스 카르노수스 아종 카르노수스 TM300] >emb|CAL28138.1| 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 카르노수스 아종 카르노수스 TM300]
- 491 [YP_301232.1](#) ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 사프로피티쿠스 아종 사프로피티쿠스 ATCC 15305] >dbj|BAE18287.1| ATP-의존성 엑소뉴클레아제 V 알파 서브유닛 [스타필로코쿠스 사프로피티쿠스 아종 사프로피티쿠스 ATCC 15305]
- 492 [ZP_07841151.1](#) 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 카프라에 C87] >gb|EFS17693.1| 헬리카제, RecD/TraA 패밀리 [스타필로코쿠스 카프라에 C87]
- 493 [NP_846841.1](#) 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 아메스] >ref|YP_021271.2| 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 '아메스 안세스터'] >gb|AAP28327.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 아메스] >gb|AAT33746.2| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 '아메스 안세스터']
- 494 [NP_390625.1](#) DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168] >ref|ZP_03592533.1| 가설 단백질 Bsubs1_15016 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168] >ref|ZP_03596814.1| 가설 단백질 BsubsN3_14932 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 NCIB 3610] >ref|ZP_03601224.1| 가설 단백질 BsubsJ_14843 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 JH642] >ref|ZP_03605505.1| 가설 단백질 BsubsS_14987 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 SMY] >sp|O34481.1|YRRC_BACSU Rec 명칭: 전체=비특성화 단백질 yrrC >emb|CAB14689.1| DNA/RNA 헬리카제 모터프를 갖는 추정 엑소뉴클레아제 [바실루스 서브틸리스 아종 서브틸리스 균주 168]

[0165]

- 495 ZP_07910981.1 RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 M23590]
>gb|EFU84761.1| RecD/TraA 패밀리 헬리카제 [스타필로코쿠스 루그두넨시스 M23590]
- 496 YP_001727916.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [류코노스톡 시트레움 KM20]
>gb|ACA82472.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [류코노스톡 시트레움 KM20]
- 497 YP_030537.1 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 스텐] >ref|ZP_00394720.1| COG0507: ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [바실루스 안트라시스 균주 A2012] >ref|ZP_02217379.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0488] >ref|ZP_02394786.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0442] >ref|ZP_02396866.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0193] >ref|ZP_02880816.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0465] >ref|ZP_02899808.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0389] >ref|ZP_02935465.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0174] >ref|ZP_03019946.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 치안코브스키아-I] >ref|YP_002817182.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CDC 684] >ref|YP_002868681.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0248] >ref|ZP_05148010.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CNEVA-9066] >ref|ZP_05194203.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 웨스턴 노스 아메리카 USA6153] >ref|ZP_05199222.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 크루거 B] >ref|ZP_05203403.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 불룸] >ref|ZP_05209725.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 오스트레일리아 94] >gb|AAT56588.1| 헬리카제, 추정 [바실루스 안트라시스 균주 스텐] >gb|EDR17076.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0488] >gb|EDR88808.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0193] >gb|EDR90879.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0442] >gb|EDS94612.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0389] >gb|EDT17185.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0465] >gb|EDT66567.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0174] >gb|EDV15990.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 치안코브스키아-I] >gb|ACP15012.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 CDC 684] >gb|ACQ48807.1| 추정 헬리카제 [바실루스 안트라시스 균주 A0248]
- 498 ZP_04291295.1 헬리카제, RecD/TraA [바실루스 세레우스 R309803] >gb|EEK76998.1| 헬리카제, RecD/TraA [바실루스 세레우스 R309803]
- 499 YP_002751754.1 추정 헬리카제 [바실루스 세레우스 03BB102] >gb|ACO31219.1| 추정 헬리카제 [바실루스 세레우스 03BB102]
- 500 ZP_08091585.1 가설 단백질 HMPREF9474_03336 [클로스트리디움 심비오숨 WAL

[0166]

[0167]

RecD 헬리카제는 보다 바람직하게는 하기 표 5에 나타난 헬리카제 중 하나 또는 그의 변이체이다. RecD 헬리카제는 보다 바람직하게는 표 5에 나타난 헬리카제 중 하나의 서열, 즉 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42 및 44 중 하나, 또는 그의 변이체를 포함한다.

[0168] 표 5 - 보다 바람직한 RecD 헬리카제

서열 번호	명칭	공급원	NCBI 참조	RecD2 Dra 에 대한 동일성 %	RecD 모티프 I (서열 번호)	RecD-유사 모티프 V (서열 번호)
18	RecD2 Ama	아카리오클로리스 마리나	NCBI 참조 서열: YP_001521445.1	29.8	GGPGTGKT (19)	WAVTIHK SQG (20)
21	RecD2 Dde	데이노코쿠스 데세르티	NCBI 참조 서열: YP_002786343.1	12.3	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
24	RecD2 Dge	데이노코쿠스 게오썬탈리스	NCBI 참조 서열: YP_604297.1	79	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
25	RecD2 Hoc	할리안기움 오크라세움 DSM	NCBI 참조 서열: YP_003270118.1	30	GGPGVGKT (26)	YAISVHK SQG (27)
28	RecD2 Nth	나트라나에로비우스 썬모필루스	NCBI 참조 서열: YP_001918465.1	28.6	GGPGTGKT (19)	YCISVHKS QG (29)
30	RecD2 Oan	옥타데카박티안타르크티쿠스	NCBI 참조 서열: ZP_05054956.1	31	GGPGVGKT (26)	YAATIHK SQG (31)
32	RecD2 Str	살리니스포라 트로파카	NCBI 참조 서열: YP_001157093.1	31.7	GGPGCGKS (33)	YAMTIHR SQG (34)
35	RecD2 Dth	데술포아트르노스피라 티오디스뮈탄스	NCBI 참조 서열: ZP_07015918.1	27.6	GGPGTGKS (22)	YAVSIHK SQG (36)
37	RecD2 Nha	니트로소코쿠스 할로필루스	NCBI 참조 서열: YP_003528424.1	29.8	GGPGVGKT (26)	YATSVHK SQG (38)
39	RecD2 Dre	데술포할로비움 레트바엔세	NCBI 참조 서열: YP_003197384.1	32	GGPGTGKT (19)	YAVSVHK SQG (40)
41	RecD2 Dra	데이노코쿠스 라디이두란스	NCBI 참조 서열: NP_295625.1	-	GGPGTGKS (22)	YALTVHR AQG (23)
42	RecD2 Cch	클로로비움 클로로크로마티	NCBI 참조 서열: YP_379155.1	30.8	GGPGVGKT (26)	YATSIHKS QG (43)
44	RecD2 Dma	데이노코쿠스 마리오렌시스	NCBI 참조 서열: YP_004170918.1	67	GGPGTGKS (22)	YALTVHR GQG (45)

[0169]

[0170] 상기 표에서의 모든 서열은 (나타낸 바와 같이) RecD-유사 모티프 V를 포함한다. 서열 18, 25, 28, 30, 35, 37, 39 및 42만이 (나타낸 바와 같이) RecD 모티프 V를 포함한다.

[0171]

RecD 헬리카제는 바람직하게는 TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제이다. TraI 헬리카제 및 TraI 하위군 헬리카제는 2개의 RecD 헬리카제 도메인, 릴렉사제 도메인 및 C-말단 도메인을 함유할 수 있다. TraI 하위군 헬리카제는 바람직하게는 TrwC 헬리카제이다. TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제는 바람직하게는 하기 표 6에 나타난 헬리카제 중 하나 또는 그의 변이체이다.

[0172]

TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제는 전형적으로 상기에 정의된 바와 같은 RecD-유사 모티프 I (서열 8) 및/또는 상기에 정의된 바와 같은 RecD-유사 모티프 V (서열 16)를 포함한다. TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제는 바람직하게는 RecD-유사 모티프 I (서열 8) 및 RecD-유사 모티프 V (서열 16)를 둘 다 포함한다. TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제는 전형적으로 하기 2개의 모티프 중 하나를 추가로 포함한다:

[0173]

- 아미노산 모티프 H-(X1)₂-X2-R-(X3)₅₋₁₂-H-X4-H (이하 MobF 모티프 III으로 불림; 서열 46 내지 53은 모든 가능한 MobF 모티프 III을 나타냄 (X3의 모든 가능한 개수 포함)) (여기서 X1 및 X3은 임의의 아미노산이고, X2 및 X4는 D, E, K 및 R을 제외한 임의의 아미노산으로부터 독립적으로 선택됨). (X1)₂는 물론 X1a-X1b이다. X1a 및 X1b는 다양한 아미노산 중 동일한 것일 수 있다. X1a는 바람직하게는 D 또는 E이다. X1b는 바람직하게는 T 또는 D이다. (X1)₂는 바람직하게는 DT 또는 ED이다. (X1)₂는 가장 바람직하게는 DT이다. (X3)₅₋₁₂에서 5 내지 12개의 아미노산은 동일하거나 또는 상이할 수 있다. X2 및 X4는 G, P, A, V, L, I, M, C, F, Y, W, H, Q, N, S 및 T로부터 독립적으로 선택된다. X2 및 X4는 바람직하게는 하전되지 않는다. X2 및 X4는 바람직하게는 H가 아니다. X2는 보다 바람직하게는 N, S 또는 A이다. X2는 가장 바람직하게는 N이다. X4는 가장 바람직

하게는 F 또는 T이다. $(X3)_{5-12}$ 는 바람직하게는 6 또는 10개 잔기 길이이다 (서열 47 및 51). $(X3)_{5-12}$ 의 적합한 실시양태는 하기 표 7에서 나타난 서열 61, 65, 69, 73, 74, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 (즉, 서열 78 및 106을 제외한 모든 것)로부터 유도될 수 있다. MobF 모티프 III의 바람직한 실시양태는 하기 표 7에 나타낸다.

[0174]

- 아미노산 모티프 G-X1-X2-X3-X4-X5-X6-X7-H-(X8)₆₋₁₂-H-X9 (이하 MobQ 모티프 III으로 불림; 서열 54 내지 60은 모든 가능한 MobQ 모티프 III을 나타냄 (X8의 모든 가능한 개수 포함)) (여기서 X1, X2, X3, X5, X6, X7 및 X9는 D, E, K 및 R을 제외한 임의의 아미노산으로부터 독립적으로 선택되고, X4는 D 또는 E이고, X8은 임의의 아미노산임). X1, X2, X3, X5, X6, X7 및 X9는 G, P, A, V, L, I, M, C, F, Y, W, H, Q, N, S 및 T로부터 독립적으로 선택된다. X1, X2, X3, X5, X6, X7 및 X9는 바람직하게는 하전되지 않는다. X1, X2, X3, X5, X6, X7 및 X9는 바람직하게는 H가 아니다. $(X8)_{6-12}$ 에서 6 내지 12개의 아미노산은 동일하거나 또는 상이할 수 있다. $(X8)_{6-12}$ 의 적합한 실시양태는 하기 표 7에 나타난 서열 78 및 106으로부터 유도될 수 있다. MobF 모티프 III의 바람직한 실시양태는 하기 표 7에 나타낸다.

[0175] 표 6 - 바람직한 TraI 헬리카제 및 TraI 하위군 헬리카제 및 그의 등록 번호

- 1 NP_061483.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [플라스미드 F]
 >sp|P14565.2|TRAI1_ECOLI Rec 명칭: 전체=다관능성 접합
 단백질 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA 릴렉사제 TraI;
 Alt 명칭: 전체=DNA 니카제 TraI; Alt 명칭:
 전체=트랜스에스테라제 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA
 헬리카제 I >gb|AAA98085.1| 헬리카제 I [플라스미드 F]
 >gb|AAC44186.1| TraI [에스케리키아 콜라이] >dbj|BAA97974.1|
 traI [플라스미드 F]
- 2 NP_862951.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >gb|AAO49548.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 3 ZP_03047597.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 E22] >gb|EDV80457.1| 유형 IV 분비-
 유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 E22]
- 4 YP_002038894.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카 아종
 엔테리카 혈청형 켄터키 균주 CVM29188] >gb|ACF57035.1|
 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라
 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 켄터키 균주 CVM29188]
 >gb|ADK62128.1| IncF 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 켄터키]
 >gb|ADK62255.1| IncF 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 켄터키]
- 5 YP_001739898.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 SMS-3-5] >gb|ACB20237.1| 유형 IV
 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 SMS-3-5]
- 6 YP_190115.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >gb|AAW58920.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 7 ZP_08368984.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TA271]
 >gb|EGI36553.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 TA271]
- 8 EFW76779.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹(nicking) 및
 언와인딩(unwinding) 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 EC4100B]

[0176]

- 9 YP_003829052.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 [에스케리키아 콜라이] >gb|ADL13946.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 10 EGX11991.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 STEC_S1191]
- 11 YP_001919160.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638] >gb|ACD54468.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638]
- 12 ZP_03051102.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 E110019] >gb|EDV86934.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 E110019]
- 13 EGH36328.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 AA86]
- 14 ZP_03030171.1 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 B7A] >gb|EDV61361.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 B7A]
- 15 EGB88794.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 117-3]
- 16 YP_003829160.1 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb|ADL14054.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 17 EFU55615.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 16-3]
- 18 EGB69775.1 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 TW10509]
- 19 YP_003034058.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 Vir68] >gb|ACT33543.1| 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 Vir68]
- 20 YP_443956.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|ABC42215.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 21 YP_001965416.1 oriT-특이적 릴렉사제; 헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb|ABG29544.1| oriT-특이적 릴렉사제; 헬리카제 [에스케리키아 콜라이]
- 22 AAQ98619.1 DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 23 YP_002401092.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 S88]

[0177]

- >emb|CAQ87159.1| OriT 니킹 및 연와인딩 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 S88]
- 24 [YP_002332185.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 O127:H6 균주 E2348/69] >emb|CAS07478.1| oriT-특이적 릴렉사제; 헬리카제 [에스케리키아 콜라이 O127:H6 균주 E2348/69]
- 25 [CBG27820.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 26 [YP_001711935.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이] >ref|ZP_08353576.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 M718] >gb|ACA34805.1| TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|EGI21737.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 M718]
- 27 [EGI88721.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시켈라 디센테리아에 155-74]
- 28 [ZP_06661276.1](#) 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B088] >gb|EFE64128.1| 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B088]
- 29 [YP_001481213.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 APEC O1] >gb|ABD51628.1| TraI [에스케리키아 콜라이 APEC O1]
- 30 [ZP_03070008.1](#) 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 101-1] >gb|EDX39128.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 101-1]
- 31 [YP_001919349.1](#) 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638] >gb|ACD54535.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 53638]
- 32 [YP_001294759.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|AAK62053.2| w0095 [에스케리키아 콜라이]
- 33 [YP_003232541.1](#) 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O26:H11 균주 11368] >dbj|BAI28866.1| 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O26:H11 균주 11368]
- 34 [YP_003237810.1](#) 니카제 [에스케리키아 콜라이 O111:H- 균주 11128] >dbj|BAI39380.1| 니카제 [에스케리키아 콜라이 O111:H- 균주 11128] >gb|EFZ66600.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 1180]
- 35 [ADR29948.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O83:H1

[0178]

- 균주 NRG 857C]
- 36 [YP_001816549.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 1520]
>emb|CAP07735.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 37 [ZP_07104698.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 119-
7] >gb|EFK43983.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이 MS 119-7]
- 38 [ZP_06988741.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
FVEC1302] >gb|EFI21971.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
[에스케리키아 콜라이 FVEC1302]
- 39 [YP_003225106.1](#) 추정 TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 O103:H2 균주 12009]
>dbj|BAI33972.1| 추정 TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이
O103:H2 균주 12009]
- 40 [AEE59988.1](#) IncF 전달 니카제/헬리카제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
UMNK88]
- 41 [EFZ76933.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
RN587/1]
- 42 [YP_004870085.1](#) 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|AEP03777.1| TraI
[에스케리키아 콜라이]
- 43 [ZP_08376536.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 H591]
>gb|EGI47868.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이 H591]
- 44 [YP_538737.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 UTI89]
>ref|ZP_03035119.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제
단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 F11] >ref|YP_003162606.1|
접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
>gb|ABE10714.1| DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이
UTI89] >gb|EDV65688.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달
릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 F11]
>gb|ACU68847.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
연와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이] >dbj|BAI57929.1|
TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 SE15] >gb|EGB49935.1|
접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 H263]
- 45 [NP_052981.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [플라스미드 R100]
>ref|NP_957632.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
[에스케리키아 콜라이] >ref|YP_001096501.1| 접합 전달

[0179]

- 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >ref[YP_002456225.1] 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [에스케리키아 콜라이] >ref[YP_003377786.1] 접합 전달
 니카제/헬리카제 [시겔라 손네이] >dbj[BAA78885.1] DNA
 헬리카제 I [플라스미드 R100] >gb[AAR25113.1] TraI
 [에스케리키아 콜라이] >gb[ABD60048.1] 접합 전달
 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb[ACL12487.1] 접합
 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]
 >emb[CBI12477.1] 접합 전달 니카제/헬리카제 [시겔라 손네이]
 >gb[ADK71125.1] 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질
 TraI [에스케리키아 콜라이] >gb[EGB54615.1] 접합 전달
 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 H489] >gb[AEO51508.1]
 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이] >gb[AEO51606.1] 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩
 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이]
- 46 YP_003294036.1 접합 전달 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이 ETEC
 H10407] >dbj[BAI49262.1] 접합 전달 니카제/헬리카제
 [에스케리키아 콜라이 ETEC H10407]
- 47 YP_002405976.1 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 UMN026]
 >emb[CAQ87444.1] DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이
 UMN026]
- 48 ZP_08344394.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 H736]
 >gb[EGI09712.1] 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 H736]
- 49 ZP_06648569.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
 FVEC1412] >gb[EFF01314.1] 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI
 [에스케리키아 콜라이 FVEC1412]
- 50 CBJ04377.1 DNA 헬리카제 I (TraI) (EC 3.6.1.-) [에스케리키아 콜라이 ETEC
 H10407]
- 51 YP_003329195.1 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb[ACK98846.1] TraI
 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 52 ADN74088.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 UM146]
- 53 YP_003517627.1 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb[ADD63581.1] TraI
 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 54 YP_788091.1 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이]

[0180]

- >dbj|BAF33994.1| TraI 단백질 (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이]
- 55 P22706.1 Rec 명칭: 전체=다관능성 접합 단백질 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA 릴렉사제 TraI; Alt 명칭: 전체=DNA 니카제 TraI; Alt 명칭: 전체=트랜스에스테라제 TraI; 포함: Rec 명칭: 전체=DNA 헬리카제 I >emb|CAA39337.1| DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 K-12]
- 56 EGC09761.1 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 E1167]
- 57 EGX11419.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 STEC_MHI813]
- 58 YP_003937647.1 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이] >emb|CBX35963.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이]

[0181]

- 59 [EGW83369.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 3030-1]
- 60 [EGB59895.1](#) 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 M863]
- 61 [EFZ69441.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 1357]
- 62 [EFU44479.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 110-3]
- 63 [YP_406350.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 보이디이 Sb227] >gb|ABB68998.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 보이디이 Sb227]
- 64 [NP_085415.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a 균주 M90T] >gb|AAK18571.1|AF348706_260 oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a 균주 M90T] >gb|AAW64823.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리]
- 65 [EGW99614.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 STEC_H.1.8]
- 66 [EGK37046.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-227]
- 67 [EFW60434.1](#) IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 CDC 796-83]
- 68 [ZP_07678376.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 디센테리아에 1617] >gb|EFP73899.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 디센테리아에 1617]
- 69 [EFW49146.1](#) IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [시겔라 디센테리아에 CDC 74-1112]
- 70 [AEG39580.1](#) IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 NA114]
- 71 [NP_490592.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 티피뮤리움 LT2] >ref|ZP_02575828.1| 유형 IV 분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 4,[5],12:i:- 균주 CVM23701] >ref|YP_003264475.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움] >ref|YP_003864254.1| 접합 전달 oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움] >gb|AAL23509.1| 접합 전달: oriT 니킹-언와인딩 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카

[0182]

- 혈청형 티피뮤리움 균주 LT2] >gb|EDZ14213.1| 유형 IV
분비-유사 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라
엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 4,[5],12:i:- 균주
CVM23701] >emb|CBA11447.1| 접합 전달, oriT 니킹-
연와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
티피뮤리움] >gb|ACY86535.1| 접합 전달: oriT 니킹-연와인딩
[살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움 균주
14028S] >dbj|BAJ15403.1| 접합 전달 oriT 니킹-연와인딩
단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
티피뮤리움] >dbj|BAJ39803.1| 접합 전달 니카제/헬리카제
TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피뮤리움
균주 T000240] >gb|ADX20374.1| 접합 전달 oriT 니킹-
연와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
티피뮤리움 균주 ST4/74] >gb|AEF10412.1| 접합 전달: oriT
니킹-연와인딩 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
티피뮤리움 균주 UK-1]
- 72 [EFW56310.1](#) IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질
TraI [시겔라 보이디어 ATCC 9905]
- 73 [YP_271768.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카]
>gb|AAY88101.1| 접합 전달 oriT 니킹-연와인딩 단백질
[살모넬라 엔테리카]
- 74 [EGP21913.1](#) 단백질 traI [에스케리키아 콜라이 PCN033]
- 75 [EGR70911.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
O104:H4 균주 LB226692]
- 76 [EGB84217.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS
60-1]
- 77 [ZP_07119795.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS
198-1] >gb|EFJ70726.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이 MS 198-1]
- 78 [YP_313447.1](#) oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편 [시겔라 손네이 Ss046]
>gb|AAZ91212.1| oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편
[시겔라 손네이 Ss046]
- 79 [EFU49447.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS
153-1]
- 80 [ZP_07197893.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS

[0183]

- 185-1]>gb|EFJ53663.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이 MS 185-1]
- 81 ZP_08386420.1 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
H299]>gb|EGI48017.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이 H299]
- 82 ZP_07246816.1 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS
146-1]>gb|EFK89652.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이 MS 146-1]
- 83 YP_406123.1 oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 디센테리아에
Sd197]>gb|ABB64635.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질,
단편 [시겔라 디센테리아에 Sd197]
- 84 EFZ55097.1 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 손네이 53G]
- 85 YP_002213911.1 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종
엔테리카 혈청형 더블린 군주 CT_02021853]
>gb|ACH73493.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라
엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린 군주 CT_02021853]
>gb|EGE27998.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라
엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린 군주 SD3246]
- 86 YP_001716148.1 집합 전달 oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카
아종 엔테리카 혈청형 더블린]>gb|ACA51179.1| 집합 전달
oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종
엔테리카 혈청형 더블린]>gb|AEA95672.1| IncF 플라스미드
집합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [살모넬라
엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린]
- 87 EGE32684.1 집합 전달 oriT 니킹-언와인딩 단백질 [살모넬라 엔테리카
아종 엔테리카 혈청형 갈리나룸 군주 SG9]
- 88 EFZ60917.1 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 LT-
68]
- 89 EGB40000.1 집합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 H120]
- 90 CAH64717.1 추정 DNA 헬리카제 I [비배양 박테리움]
- 91 ZP_08351681.1 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
M605]>gb|EG112706.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이 M605]
- 92 ZP_08351622.1 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
M605]>gb|EG112749.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI

[0184]

- [에스케리키아 콜라이 M605]
- 93 [YP_001338645.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >ref[YP_001338768.1] 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >ref[ZP_08307093.1] 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [클레브시엘라 종 MS 92-3] >gb|ABR80415.1| oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >gb|ABR80538.1| oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 뉴모니아에 MGH 78578] >gb|EGF60807.1] 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [클레브시엘라 종 MS 92-3]
- 94 [EGK29111.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-218] >gb|EGK30401.1] 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-218]
- 95 [NP_858382.1](#) oriT 니킹 및 연와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301] >gb|AAL72418.1| oriT 니킹 및 연와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301]
- 96 [EGT71209.1](#) 가설 단백질 C22711_5245 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 97 [YP_003560496.1](#) oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADE44066.1| oriT 니킹-연와인딩 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 98 [YP_003517517.1](#) TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >ref[YP_004249929.1] IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질 [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADD63471.1| TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADX60440.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 연와인딩 단백질 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 99 [ZP_06015312.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 리노스클레로마티스 ATCC 13884] >gb|EEW41559.1] 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에 아종 리노스클레로마티스 ATCC 13884]
- 100 [EGJ92351.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [시겔라 플렉스네리 K-671]
- 101 [YP_003754133.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADJ18707.1] 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI

[0185]

- [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 102 [ADA76996.1](#) OriT 니킹 및 연와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2002017]
- 103 [YP_001154759.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에르시니아 페스티스 페스토이테스 F] >gb|ABP42462.1| 접합 전달 oriT 니킹-연와인딩 단백질 [에르시니아 페스티스 페스토이테스 F]
- 104 [YP_093987.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에르시니아 페스티스] >emb|CAG27514.1| TraI 단백질 [에르시니아 페스티스]
- 105 [EGB74535.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 57-2]
- 106 [EGX15096.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 TX1999]
- 107 [ZP_07778521.1](#) traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75] >gb|EFR18955.1| traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75]
- 108 [EGB44795.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 H252]
- 109 [ZP_07192950.1](#) 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 196-1] >gb|EF185456.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 196-1]
- 110 [ZP_07692602.1](#) 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7] >gb|EFO55447.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7]
- 111 [ZP_07212721.1](#) 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1] >gb|EFK65846.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1] >gb|EFU32883.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 85-1]
- 112 [ZP_07122964.1](#) 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1] >gb|EFJ86486.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1]
- 113 [ZP_06641688.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 오도리페라 DSM 4582] >gb|EFE93292.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 오도리페라 DSM 4582]
- 114 [ZP_07213112.1](#) 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1] >gb|EFK65486.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 124-1]
- [0186]
- >gb|EFU32564.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 85-1]
- 115 [ZP_07125330.1](#) 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1] >gb|EFJ84116.1| 추정 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 84-1]
- 116 [AAA98086.1](#) 헬리카제 I [플라스미드 F] >gb|AAC44187.1| TraI* [에스케리키아 콜라이]
- 117 [ZP_07692570.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7] >gb|EFO55472.1| DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 145-7]
- [0187]

- 118 [EGB44794.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [에스케리키아 콜라이 H252]
- 119 [CBA76609.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 [아르세노포누스 나소니아에]
- 120 [YP_004831100.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 마르세스센스]
>gb|AEM89415.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [세라티아 마르세스센스]
- 121 [AEJ60155.1](#) 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 UMN18]
- 122 [EGX24402.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TX1999]
- 123 [AAM90727.1](#) TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 티피]
- 124 [ZP_08374850.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TA280] >gb|EGI40125.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 TA280]
- 125 [CBY99022.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 웰테브레텐 균주 2007-60-3289-1]
- 126 [ZP_02347591.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 세인트폴 균주 SARA29] >gb|EDZ09644.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 세인트폴 균주 SARA29]
- 127 [YP_001144265.1](#) TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449] >gb|ABO92517.1| TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449]
- 128 [YP_001144345.1](#) TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449] >gb|ABO92597.1| TraI 단백질 [아에로모나스 살모니시다 아종 살모니시다 A449]
- 129 [YP_003717559.1](#) 추정 TraI DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 ETEC 1392/75] >emb|CBL93299.1| 추정 TraI DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 ETEC 1392/75]
- 130 [ZP_08351623.1](#) 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 M605] >gb|EGI12750.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 M605]
- 131 [ZP_06658914.1](#) 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B185] >gb|EFF04614.1| 접합 전달 릴렉사제 TraI [에스케리키아 콜라이 B185]
- 132 [YP_002291232.1](#) TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 SE11] >dbj|BAG80410.1|

[0188]

- TraI 단백질 [에스케리키아 콜라이 SE11]
- 133 [EFZ47384.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 134 [EGX19478.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 STEC_S1191]
- 135 [YP_002527579.1](#) 가설 단백질 pO103_123 [에스케리키아 콜라이] >gb|ACJ63608.1| 보존된 가설 단백질 [에스케리키아 콜라이]
- 136 [EGX15095.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 TX1999]
- 137 [EFZ47387.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 138 [ZP_06193648.1](#) 단백질 TraI [세라티아 오도리페라 4Rx13] >gb|EFA13747.1| 단백질 TraI [세라티아 오도리페라 4Rx13]
- 139 [EGB39999.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [에스케리키아 콜라이 H120]
- 140 [YP_003739388.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 [에르위니아 빌링기아에 Eb661] >emb|CAX53670.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 [에르위니아 빌링기아에 Eb661]
- 141 [YP_002539341.1](#) TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|ACM18376.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 142 [BAA31818.1](#) 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 사카이]
- 143 [ADA76995.1](#) OriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2002017] >gb|EGJ92352.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라 플렉스네리 K-671] >gb|EGK29102.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라 플렉스네리 K-218] >gb|EGK30383.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라 플렉스네리 K-218]
- 144 [EFZ45075.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 145 [ZP_05940744.1](#) 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 FRIK2000] >ref|ZP_05949378.1| 접합 전달 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 FRIK966]
- 146 [NP_858381.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301] >gb|AAL72528.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2a 균주 301]
- 147 [YP_325658.1](#) DNA 헬리카제 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 EDL933] >ref|ZP_03085731.1| 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4024] >ref|ZP_03253092.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4206] >ref|ZP_03258416.1| 단백질 TraI

[0189]

- [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4045]
 >ref|ZP_03263676.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4042] >ref|YP_002268456.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4115]
 >ref|ZP_03445961.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 TW14588] >ref|YP_003082207.1| DNA
 헬리카제 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 TW14359]
 >gb|AAC70166.1| DNA 헬리카제 [에스케리키아 콜라이
 O157:H7] >gb|EDZ79179.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4206] >gb|EDZ79263.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4045]
 >gb|EDZ84639.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC4042] >gb|ACI34506.1| 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 O157:H7 균주 EC4115] >gb|EEC25550.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 TW14588]
 >gb|ACT75233.1| DNA 헬리카제 [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 TW14359]
 148 [EFZ04572.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
 콜레라에수이스 균주 SCSA50]
 149 [YP_209287.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
 콜레라에수이스 균주 SC-B67] >gb|AAS58906.1| TraI 단백질
 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스
 균주 SC-B67]
 150 [YP_001598090.1](#) 가설 단백질 pOU7519_37 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카
 혈청형 콜레라에수이스] >gb|ABX56758.1| TraI [살모넬라
 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]
 151 [EGY27955.1](#) DNA 헬리카제 [칸디다투스 레기엘라 인섹티콜라 R5.15]
 152 [ZP_02775703.2](#) 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4113]
 >ref|ZP_02808113.2| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4076] >gb|EDU53238.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4113]
 >gb|EDU68518.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC4076]
 153 [ZP_02802536.2](#) 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4196] >ref|ZP_02783766.2| 단백질 TraI

[0190]

- [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4401]
 >ref|ZP_02794287.2| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC4486] >ref|ZP_02788057.2| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4501]
 >ref|ZP_02815172.2| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이
 O157:H7 균주 EC869] >ref|ZP_02826253.2| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC508]
 >gb|EDU31089.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I)
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4196]
 >gb|EDU72890.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC4401] >gb|EDU80130.1| 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 O157:H7 균주 EC4486] >gb|EDU85126.1| 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC4501]
 >gb|EDU88744.1| 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 EC869] >gb|EDU94999.1| 단백질 TraI [에스케리키아
 콜라이 O157:H7 균주 EC508] >gb|EFW63329.1| IncF
 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질 TraI
 [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주 EC1212]
 >gb|EGD61029.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7 균주
 1125] >gb|EGD71407.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-
 니킹 및 언와인딩 단백질 TraI [에스케리키아 콜라이 O157:H7
 균주 1044]
- 154 ZP_07779988.1 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75]
 >gb|EFR17488.1| traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이
 2362-75]
- 155 ZP_08386421.1 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 H299]
 >gb|EGI48018.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I)
 [에스케리키아 콜라이 H299]
- 156 1P4D_A 쇠 A, F 인자 Trai 릴렉사제 도메인 >pdb|1P4D|B 쇠 B, F
 인자 Trai 릴렉사제 도메인 >pdb|1P4D|C 쇠 C, F 인자 Trai
 릴렉사제 도메인
- 157 2A0I_A 쇠 A, F Orit 단일-가닥 Dna 에 결합된 F 인자 Trai 릴렉사제
 도메인
- 158 EFZ47389.1 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]

[0191]

- 159 [YP_004118615.1](#) 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아 종 At-9b]
>gb|ADU72059.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아
종 At-9b]
- 160 [YP_004119632.1](#) 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아 종 At-9b]
>gb|ADU73076.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [판토에아
종 At-9b]
- 161 [EGW99739.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 G58-1]
- 162 [YP_004821631.1](#) 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [엔테로박터 아스부리아에
LF7a] >gb|AEN67255.1| 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[엔테로박터 아스부리아에 LF7a]
- 163 [YP_001165588.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [엔테로박터 종 638]
>gb|ABP62914.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제
V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사
단백질 [엔테로박터 종 638]
- 164 [YP_003602677.1](#) 집합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [엔테로박터 클로아카에 아종
클로아카에 ATCC 13047] >gb|ADF64869.1| 집합 전달
릴렉사제 단백질 TraI [엔테로박터 클로아카에 아종
클로아카에 ATCC 13047]
- 165 [YP_311531.1](#) 가설 단백질 SSON_2674 [시겔라 손네이 Ss046]
>gb|AAZ89296.1| 가설 단백질 SSON_2674 [시겔라 손네이
Ss046]
- 166 [NP_073254.1](#) 가설 단백질 pKDSC50_p30 [살모넬라 엔테리카 아종
엔테리카 혈청형 콜레라에수이스] >dbj|BAB20537.1| orf30
[살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]
- 167 [2Q7T_A](#) 쇠 A, 잘리기 쉬운 티미딘 염기를 갖는 F 플라스미드 Trai
릴렉사제 도메인의 결정 구조 >pdb|2Q7T|B 쇠 B, 잘리기
쉬운 티미딘 염기를 갖는 F 플라스미드 Trai 릴렉사제
도메인의 결정 구조 >pdb|2Q7U|A 쇠 A, 잘리기 쉬운 티미딘
염기 및 이미도디포스페이트를 갖는 F 플라스미드 Trai
릴렉사제 도메인의 결정 구조 >pdb|2Q7U|B 쇠 B, 잘리기
쉬운 티미딘 염기 및 이미도디포스페이트를 갖는 F
플라스미드 Trai 릴렉사제 도메인의 결정 구조
- 168 [EGB84260.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 60-1]
- 169 [ZP_07119794.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 198-
1] >gb|EFJ70739.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질

[0192]

- [에스케리키아 콜라이 MS 198-1]
- 170 [EGB74274.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 57-2]
- 171 [ZP_04533197.1](#) 헬리카제 I [에스케리키아 종 3_2_53FAA] >gb|EEH89372.1|
헬리카제 I [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
- 172 [EFU49424.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 153-1]
- 173 [EFZ60914.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 LT-68]
- 174 [CBK86956.1](#) 접합 릴렉사제 도메인, TrwC/TraI 패밀리 [엔테로박터 클로아카에 아종 클로아카에 NCTC 9394]
- 175 [YP_313450.1](#) oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편 [시겔라 손네이 Ss046]
>gb|AAZ91215.1|oriT 니킹 및 연와인딩 단백질, 단편 [시겔라 손네이 Ss046]
- 176 [EGP22056.1](#) 가설 단백질 PPECC33_45560 [에스케리키아 콜라이 PCN033]

[0193]

- 177 [ZP_04533202.1](#) TraI 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA] >gb|EEH89366.1|
TraI 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
- 178 [ZP_07248320.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 146-1]
>gb|EFK88152.1| DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
MS 146-1]
- 179 [EFZ45103.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 E128010]
- 180 [YP_003502675.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛
- 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [에스케리키아 콜라이
O55:H7 균주 CB9615] >gb|ADD59691.1| ATP-의존성
엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛 - 헬리카제
슈퍼패밀리 I 구성원 [에스케리키아 콜라이 O55:H7 균주
CB9615]
- 181 [ZP_04533172.1](#) 추정 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA] >gb|EEH89397.1|
추정 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
- 182 [YP_406124.1](#) 추정 DNA 헬리카제 I, 단편 [시켈라 디센테리아에 Sd197]
>gb|ABB64636.1| 추정 DNA 헬리카제 I, 단편 [시켈라
디센테리아에 Sd197]
- 183 [ZP_04533171.1](#) 보존된 가설 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
>gb|EEH89398.1| 보존된 가설 단백질 [에스케리키아 종
3_2_53FAA]
- 184 [ZP_07192951.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 196-1]
>gb|EFI85454.1| DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이
MS 196-1]
- 185 [YP_001853797.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 타페티스]
>gb|ACB99627.1| 릴렉사제 TraI [비브리오 타페티스]
- 186 [YP_002261511.1](#) 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [알리이비브리오 살모니시다
LFI1238] >emb|CAQ81880.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I)
[알리이비브리오 살모니시다 LFI1238]
- 187 [NP_762615.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스
CMCP6] >gb|AAO07605.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
[비브리오 불니피쿠스 CMCP6]
- 188 [YP_001393155.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스]
>emb|CAL25489.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오
불니피쿠스]
- 189 [EGB74536.1](#) DNA 헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 MS 57-2]

[0194]

- 190 [NP_932226.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스 YJ016]
>dbj|BAC97749.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 불니피쿠스 YJ016]
- 191 [YP_001557030.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
>gb|ABX51770.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
- 192 [ADT96679.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS678]
- 193 [YP_001911094.1](#) TraI 단백질 [에르위니아 타스마니엔시스 Et1/99]
>emb|CAO94972.1| TraI 단백질 [에르위니아 타스마니엔시스 Et1/99]
- 194 [YP_002360275.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
>gb|ACK48852.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
- 195 [AEG13610.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 BA175]
- 196 [EFZ04571.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스 균주 SCSA50]
- 197 [ZP_01813760.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3] >gb|EDK28851.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3]
- 198 [YP_002360333.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
>gb|ACK48971.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
- 199 [YP_001557007.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
>gb|ABX51747.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS195]
- 200 [YP_002364244.1](#) 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
>gb|ACK48877.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS223]
- 201 [YP_209286.1](#) TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스 균주 SC-B67] >ref|YP_001598089.1| 가설 단백질 pOU7519_36 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스] >gb|AAS58905.1| TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스 균주 SC-B67] >gb|ABX56757.1| TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]

[0195]

- 202 YP_015476.1 DNA 헬리카제 TraI [포토박테리움 프로폰둠 SS9]
 >emb|CAG17960.1| 추정 DNA 헬리카제 (TraI) [포토박테리움
 프로폰둠 SS9]
- 203 YP_001355447.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS185]
 >gb|ABS10539.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라
 발티카 OS185]
- 204 EHC04201.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [쉐와넬라 발티카 OS625]
- 205 ZP_06188936.1 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [레지오넬라 롱베아카에 D-
 4968] >gb|EEZ93459.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI
 [레지오넬라 롱베아카에 D-4968]
- 206 ZP_06157867.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에 CIP 102761]
 >gb|EEZ39122.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에
 CIP 102761]
- 207 ZP_06157920.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에 CIP 102761]
 >gb|EEZ39063.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에
 CIP 102761]
- 208 ZP_08351743.1 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아 콜라이 M605]
 >gb|EGI12643.1| 단백질 TraI (DNA 헬리카제 I) [에스케리키아
 콜라이 M605]
- 209 ZP_08738328.1 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 투비아쉬이 ATCC
 19109] >gb|EGU55339.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI
 [비브리오 투비아쉬이 ATCC 19109]
- 210 YP_003993727.1 incf 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 trai [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에]
 >emb|CBX86814.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에]
- 211 ZP_06157811.1 IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및 언와인딩 단백질
 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에 CIP 102761]
 >gb|EEZ39249.1| IncF 플라스미드 접합 전달 DNA-니킹 및
 언와인딩 단백질 TraI [포토박테리움 담셀라에 아종 담셀라에
 CIP 102761]

[0196]

- 212 [YP_003915110.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [레지오넬라 롱베아카에 NSW150] >emb|CBJ13946.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [레지오넬라 롱베아카에 NSW150]
- 213 [YP_122194.1](#) 가설 단백질 plpp0039 [레지오넬라 뉴모필라 균주 파리] >emb|CAH17216.1| 가설 단백질 plpp0039 [레지오넬라 뉴모필라 균주 파리]
- 214 [ZP_07197892.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 185-1] >gb|EFJ53671.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 185-1]
- 215 [ZP_05884791.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 코랄리일리티쿠스 ATCC BAA-450] >gb|EEX34480.1| 추정 접합 전달 단백질 TraI [비브리오 코랄리일리티쿠스 ATCC BAA-450]
- 216 [ZP_07222592.1](#) 유형-F 접합 전달 시스템 필린 아세틸라제 TraX [에스케리키아 콜라이 MS 78-1] >gb|EFK71814.1| 유형-F 접합 전달 시스템 필린 아세틸라제 TraX [에스케리키아 콜라이 MS 78-1]
- 217 [3FLD_A](#) 쇠 A, Trai C-말단 도메인의 결정 구조 >pdb|3FLD|B 쇠 B, Trai C-말단 도메인의 결정 구조
- 218 [EGT71207.1](#) 가설 단백질 C22711_5243 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 219 [ZP_05440093.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 종 4_1_40B]
- 220 [EGX24451.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 TX1999]
- 221 [EFZ55098.1](#) traI 도메인 단백질 [시겔라 손네이 53G]
- 222 [YP_003933505.1](#) DNA 메틸라제 [판토에아 베간스 C9-1] >gb|ADO08159.1| 추정 DNA 메틸라제 [판토에아 베간스 C9-1]
- 223 [AAA83930.1](#) traI [플라스미드 F]
- 224 [ADQ53972.1](#) 추정 접합 전달 단백질 [비브리오 하르베이]
- 225 [ZP_07778522.1](#) traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75] >gb|EFR18956.1| traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 2362-75]
- 226 [ZP_07192561.1](#) 보존된 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 196-1] >gb|EFI85846.1| 보존된 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 196-1]
- 227 [AAW64824.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리] >gb|EGK29113.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라

[0197]

- 플렉스네리 K-218] >gb|EGK30381.1| 단백질 traI 도메인
단백질 [시겔라 플렉스네리 K-218]
- 228 [NP_085414.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a
균주 M90T] >ref|NP_858380.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질
[시겔라 플렉스네리 2a 균주 301]
>gb|AAK18570.1|AF348706_259 oriT 니킹 및 언와인딩
단백질, 단편 [시겔라 플렉스네리 5a 균주 M90T]
>gb|AAL72527.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라
플렉스네리 2a 균주 301]
- 229 [ADA76994.1](#) OriT 니킹 및 언와인딩 단백질 [시겔라 플렉스네리 2002017]
>gb|EGJ92353.1| 단백질 traI 도메인 단백질 [시겔라
플렉스네리 K-671]
- 230 [ZP_07197891.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 185-
1] >gb|EFJ53674.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[에스케리키아 콜라이 MS 185-1]
- 231 [EFU44520.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 110-
3]
- 232 [ZP_07222591.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 78-1]
>gb|EFK71830.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아
콜라이 MS 78-1]
- 233 [YP_406349.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 보이디이
Sb227] >gb|ABB68997.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편
[시겔라 보이디이 Sb227]
- 234 [YP_406122.1](#) oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편 [시겔라 디센테리아에
Sd197] >gb|ABB64634.1| oriT 니킹 및 언와인딩 단백질, 단편
[시겔라 디센테리아에 Sd197]
- 235 [EFW49145.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [시겔라 디센테리아에 CDC
74-1112]

[0198]

- 236 [ZP_07246817.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 146-1] >gb|EFK89648.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 MS 146-1]
- 237 [YP_004250852.1](#) 추정 단백질 *traI* (DNA 헬리카제 I) [비브리오 니그리폴리리투도] >emb|CBJ93141.1| 추정 단백질 *traI* (DNA 헬리카제 I) [비브리오 니그리폴리리투도]
- 238 [EFZ60915.1](#) 단백질 *traI* 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 LT-68]
- 239 [YP_617529.1](#) *TrwC* 단백질 [스핑크펙시스 알라스켄시스 RB2256] >gb|ABF54196.1| *TrwC* 단백질 [스핑크펙시스 알라스켄시스 RB2256]
- 240 [ZP_01813650.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3] >gb|EDK28925.1| ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3]
- 241 [ZP_01813651.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3] >gb|EDK28926.1| ATP-의존성 엑소 DNAse, 알파 서브유닛 [비브리오날레스 박테리움 SWAT-3]
- 242 [NP_052850.1](#) 가설 단백질 *QpDV_p09* [콕시엘라 부르네티이] >gb|AAD33482.1|AF131076_8 가설 단백질 [콕시엘라 부르네티이] >emb|CAA59942.1|orf 611 [콕시엘라 부르네티이]
- 243 [CAA75825.1](#) 가설 단백질 [콕시엘라 부르네티이]
- 244 [YP_002302593.1](#) DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 *CbuK_Q154*] >gb|ACJ21266.1| DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 *CbuK_Q154*]
- 245 [YP_003502676.1](#) *TraI* [에스케리키아 콜라이 O55:H7 균주 CB9615] >gb|ADD59692.1| *TraI* [에스케리키아 콜라이 O55:H7 균주 CB9615]
- 246 [YP_001649308.1](#) 추정 단백질 *traI* [콕시엘라 부르네티이 'MSU 염소 Q177'] >gb|EAX32547.2| 추정 단백질 *traI* [콕시엘라 부르네티이 'MSU 염소 Q177']
- 247 [YP_001423428.2](#) DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 더그웨이 5J108-111] >gb|ABS78549.2| DNA 헬리카제 [콕시엘라 부르네티이 더그웨이 5J108-111]
- 248 [YP_001595803.1](#) 추정 단백질 *traI* [콕시엘라 부르네티이 RSA 331] >gb|ABX77172.1| 추정 단백질 *traI* [콕시엘라 부르네티이 RSA 331]

[0199]

- 249 [NP_052342.1](#) 가설 단백질 QpH1_p10 [콕시엘라 부르네티이]
>emb|CAA53112.1| 명칭이 정해지지 않은 단백질 생성물
[콕시엘라 부르네티이]
- 250 [ZP_01863208.1](#) 가설 단백질 ED21_17597 [에리트로박터 종 SD-21]
>gb|EDL49436.1| 가설 단백질 ED21_17597 [에리트로박터 종
SD-21]
- 251 [ZP_08645753.1](#) 접합 전달 단백질 TraA [아세트박터 트로피칼리스 NBRC
101654] >dbj|GAA09057.1| 접합 전달 단백질 TraA
[아세트박터 트로피칼리스 NBRC 101654]
- 252 [YP_497456.1](#) TrwC 단백질 [노보스펑고비움 아로마티시보란스 DSM 12444]
>gb|ABD26622.1| TrwC 단백질 [노보스펑고비움
아로마티시보란스 DSM 12444]
- 253 [AAL78346.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 254 [EFW60435.1](#) 접합 전달 니카제/헬리카제 TraI [시켈라 플렉스테리 CDC 796-
83]
- 255 [YP_001235537.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [아시디필리움 크립툼 JF-5]
>gb|ABQ31618.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V)
알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질
[아시디필리움 크립툼 JF-5]
- 256 [ZP_05038212.1](#) 가설 단백질 S7335_4654 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
>gb|EDX86947.1| 가설 단백질 S7335_4654 [시네코코쿠스 종
PCC 7335]
- 257 [ZP_08897263.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [글루콘아세트박터
오보에디엔스 174Bp2]
- 258 [NP_049139.1](#) DNA 헬리카제 [노보스펑고비움 아로마티시보란스]
>ref|YP_001165751.1| 가설 단백질 Saro_3983 [노보스펑고비움
아로마티시보란스 DSM 12444] >gb|AAD03935.1| DNA
헬리카제 [노보스펑고비움 아로마티시보란스] >gb|ABP64225.1|
가설 단백질 Saro_3983 [노보스펑고비움 아로마티시보란스
DSM 12444]
- 259 [YP_004390567.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [알리시클리필루스
테니트리피칸스 K601] >gb|AEB87051.1| 접합 릴렉사제 도메인
단백질 [알리시클리필루스 테니트리피칸스 K601]
- 260 [ZP_07678069.1](#) TrwC 단백질 [랄스토니아 종 5_7_47FAA]
>ref|ZP_08896172.1| 가설 단백질 HMPREF0989_04418

[0200]

- [랄스토니아 종 5_2_56FAA]>gb|EFP63590.1| TrwC 단백질
[랄스토니아 종 5_7_47FAA]>gb|EGY61032.1| 가설 단백질
HMPREF0989_04418 [랄스토니아 종 5_2_56FAA]
- 261 YP_974028.1 TrwC 단백질 [아시도보락스 종 JS42]>gb|ABM44293.1| TrwC
단백질 [아시도보락스 종 JS42]
- 262 YP_001869867.1 고정화 단백질 TraI-유사 단백질 [노스톡 폰크티포르메 PCC
73102]>gb|ACC85356.1| 고정화 단백질 TraI-유사 단백질
[노스톡 폰크티포르메 PCC 73102]
- 263 YP_718086.1 DNA 헬리카제 [스핑고모나스 종 KA1]>dbj|BAF03374.1|
DNA 헬리카제 [스핑고모나스 종 KA1]
- 264 YP_004534199.1 TrwC 단백질 [노보스핑고비움 종 PP1Y]>emb|CCA92381.1|
TrwC 단백질 [노보스핑고비움 종 PP1Y]
- 265 ZP_08701842.1 TrwC 단백질 [시트로미크로비움 종 JLT1363]
- 266 YP_003602886.1 가설 단백질 ECL_B116 [엔테로박터 클로아카에 아종
클로아카에 ATCC 13047]>gb|ADF65078.1| 가설 단백질
ECL_B116 [엔테로박터 클로아카에 아종 클로아카에 ATCC
13047]
- 267 ZP_06861556.1 TrwC 단백질 [시트로미크로비움 배티오마리눔 JL354]
- 268 NP_542915.1 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸티다]>emb|CAC86855.1|
추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸티다]
- 269 YP_457045.1 TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594]
>gb|ABC62248.1| TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스
HTCC2594]
- 270 YP_122325.1 가설 단백질 plpl0032 [레지오넬라 뉴모필라 균주 렌즈]
>emb|CAH17351.1| 가설 단백질 plpl0032 [레지오넬라
뉴모필라 균주 렌즈]
- 271 YP_004030608.1 DNA 헬리카제 I TraI [부르크홀데리아 리족시니카 HKI 454]
>emb|CBW77286.1| TraI 단백질 (DNA 헬리카제 I) (EC 3.6.1.-
) [부르크홀데리아 리족시니카 HKI 454]
- 272 YP_457732.1 TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594]
>gb|ABC62935.1| TrwC 단백질 [에리트로박터 리토랄리스
HTCC2594]
- 273 ZP_01039301.1 TrwC 단백질 [에리트로박터 종 NAP1]>gb|EAQ29772.1|
TrwC 단백질 [에리트로박터 종 NAP1]
- 274 YP_737083.1 TrwC 단백질 [쉐와넬라 종 MR-7]>gb|ABI42026.1| TrwC

[0201]

- 단백질 [쉐와넬라 종 MR-7]
- 275 [ZP_05040239.1](#) 가설 단백질 S7335_1207 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
>gb|EDX82503.1| 가설 단백질 S7335_1207 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
- 276 [AAP57243.1](#) 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸티다]
- 277 [NP_942625.1](#) TrwC [크산토모나스 시트리] >ref|ZP_06705283.1| TraI 단백질
[크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 11122] >gb|AAO72099.1| TrwC [크산토모나스 시트리]
>gb|EFF43152.1| TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 11122]
- 278 [1OMH_A](#) 쉐 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 집합 릴렉사제 Trwc.
금속-무함유 구조 >pdb|1QX0|A 쉐 A, Orit Dna 를 갖는
복합체에서의 집합 릴렉사제 Trwc. 금속-결합 구조
>pdb|1S6M|A 쉐 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 집합
릴렉사제 Trwc. 금속-결합 구조 >pdb|1ZM5|A 쉐 A, Orit
Dna 를 갖는 복합체에서의 집합 릴렉사제 Trwc, 쿠퍼-결합
구조
- 279 [ZP_06485934.1](#) TrwC 단백질 [크산토모나스 캄페스트리스 pv. 바스칼로룸
NCPPB702]
- 280 [1OSB_A](#) 쉐 A, Orit Dna 를 갖는 복합체에서의 집합 릴렉사제 Trwc.
금속-무함유 구조 >pdb|1OSB|C 쉐 C, Orit Dna 를 갖는
복합체에서의 집합 릴렉사제 Trwc. 금속-무함유 구조.
- 281 [ZP_08207479.1](#) 집합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑고비움
니트로게니피겐스 DSM 19370] >gb|EGD60431.1| 집합
릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스
DSM 19370]
- 282 [2CDM_A](#) 쉐 A, 인식 헤어핀 및 절단 부위를 포함하는 27 량체 Dna 와
복합체화된 Trwc 의 구조 >pdb|2CDM|C 쉐 C, 인식 헤어핀
및 절단 부위를 포함하는 27 량체 Dna 와 복합체화된 Trwc 의
구조
- 283 [ZP_01731779.1](#) 가설 단백질 CY0110_01035 [시아노테세 종 CCY0110]
>gb|EAZ88794.1| 가설 단백질 CY0110_01035 [시아노테세 종
CCY0110]
- 284 [NP_644759.1](#) TrwC 단백질 [크산토모나스 악소노포디스 pv. 시트리 균주
306] >gb|AAM39277.1| TrwC 단백질 [크산토모나스

[0202]

- 285 [ZP_06732867.1](#) 약소노포디스 pv. 시트리 균주 306] TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535] >gb|EFF46014.1| TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535]
- 286 [YP_361538.1](#) 추정 TraI 단백질 [크산토모나스 캄페스트리스 pv. 베시카토리아 균주 85-10] >emb|CAJ19791.1| 추정 TraI 단백질 [크산토모나스 캄페스트리스 pv. 베시카토리아 균주 85-10]
- 287 [CBJ36129.1](#) 추정 traC, 유형 IV 분비 시스템 [랄스토니아 솔라나세아룸 CMR15]
- 288 [YP_001260099.1](#) 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1] >gb|ABQ71332.1| 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1]
- 289 [YP_001451611.1](#) 추정 유형 IV 접합 전달 시스템 커플링 단백질 TraD [에스케리키아 콜라이 E24377A] >gb|ABV16432.1| 추정 유형 IV 접합 전달 시스템 커플링 단백질 TraD [에스케리키아 콜라이 E24377A]
- 290 [ZP_08208941.1](#) 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑크비움 니트로게니피겐스 DSM 19370] >gb|EGD59319.1| 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [노보스핑크비움 니트로게니피겐스 DSM 19370]
- 291 [AAO84912.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 292 [YP_002515847.1](#) DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 TrwC [카울로박터 크레센투스 NA1000] >gb|ACL93939.1| DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 trwC [카울로박터 크레센투스 NA1000]
- 293 [YP_001260037.1](#) 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1] >gb|ABQ71270.1| 접합 릴렉사제 영역-유사 단백질 [스핑크모나스 비티히이 RW1]
- 294 [ZP_04629294.1](#) 가설 단백질 yberc0001_36240 [에르시니아 베르코비에리 ATCC 43970] >gb|EEQ05839.1| 가설 단백질 yberc0001_36240 [에르시니아 베르코비에리 ATCC 43970]

[0203]

- 295 [CAZ15897.1](#) 개연적 집합 전달 단백질 [크산토모나스 알빌리네안스]
- 296 [YP_315578.1](#) TrwC 단백질 [티오바실루스 테니트리피칸스 ATCC 25259]
>gb|AAZ97773.1| TrwC 단백질 [티오바실루스
테니트리피칸스 ATCC 25259]
- 297 [ZP_01770026.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 슈도말레이 305]
>ref|ZP_03456236.1| TrwC 텔렉사제 패밀리
[부르크홀데리아 슈도말레이 576] >gb|EBA45613.1| TrwC
단백질 [부르크홀데리아 슈도말레이 305] >gb|EEC32220.1|
TrwC 텔렉사제 패밀리 [부르크홀데리아 슈도말레이 576]
- 298 [YP_001869963.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [노스톡 폰크티포르메
PCC 73102] >gb|ACC84922.1| ATP-의존성 엑소 DNase
(엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리
I 구성원-유사 단백질 [노스톡 폰크티포르메 PCC 73102]
- 299 [ZP_08210392.1](#) TrwC 단백질 [노보스펑고비움 니트로게니피겐스 DSM
19370] >gb|EGD57551.1| TrwC 단백질 [노보스펑고비움
니트로게니피겐스 DSM 19370]
- 300 [YP_001692976.1](#) 고정화 단백질 TraI [에르시니아 엔테로콜리티카]
>emb|CAP20128.1| 고정화 단백질 TraI [에르시니아
엔테로콜리티카]
- 301 [YP_003455306.1](#) 집합 전달 단백질 TraI [레지오넬라 롱베아카에 NSW150]
>emb|CBJ12209.1| 추정 집합 전달 단백질 TraI [레지오넬라
롱베아카에 NSW150]
- 302 [YP_745335.1](#) traI 단백질 (DNA 헬리카제 I) [그레놀리박터 베테스텐시스
CGDNIH1] >gb|ABI62412.1| traI 단백질 (DNA 헬리카제 I)
[그레놀리박터 베테스텐시스 CGDNIH1]
- 303 [YP_001911166.1](#) TrwC [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 더블린]
>gb|ABS71078.1| TrwC [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카
혈청형 더블린]
- 304 [YP_001874877.1](#) 이동 단백질 [프로비덴시아 레트게리] >emb|CAQ48354.1|
이동 단백질 [프로비덴시아 레트게리]
- 305 [YP_001552064.1](#) trwC 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형
더블린] >dbj|BAF93147.1| trwC 단백질 [살모넬라 엔테리카
아종 엔테리카 혈청형 더블린]
- 306 [CAA44853.2](#) TrwC [에스케리키아 콜라이 K-12]
- 307 [YP_096090.1](#) 가설 단백질 lpg2077 [레지오넬라 뉴모필라 아종 뉴모필라

[0204]

- 균주 필라텔피아 1] >gb|AAU28143.1| TraI [레지오넬라
뉴모필라 아종 뉴모필라 균주 필라텔피아 1]
- 308 [YP_534815.1](#) 추정 플라스미드 전달 단백질 TraC [슈도모나스 푸터다
>dbj|BAE92149.1| 추정 플라스미드 전달 단백질 TraC
[슈도모나스 푸터다]
- 309 [FAA00039.1](#) TPA: TrwC 단백질 [에스케리키아 콜라이]
- 310 [NP_863125.1](#) 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 푸터다]
>ref|YP_002887474.1| 추정 TraC 단백질 [슈도모나스
플루오레센스] >gb|AAO64324.1| 추정 TraC 단백질
[슈도모나스 푸터다] >gb|ACQ63541.1| 추정 TraC 단백질
[슈도모나스 플루오레센스]
- 311 [ZP_04868849.1](#) 보존된 가설 단백질 [스타필로코쿠스 아우레우스 아종
아우레우스 TCH130] >gb|EES96070.1| 보존된 가설 단백질
[스타필로코쿠스 아우레우스 아종 아우레우스 TCH130]
- 312 [ZP_01304707.1](#) TrwC 단백질 [스핑크모나스 종 SKA58] >gb|EAT07464.1|
TrwC 단백질 [스핑크모나스 종 SKA58]
- 313 [ZP_05040124.1](#) TrwC 릴렉사제 패밀리 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
>gb|EDX82788.1| TrwC 릴렉사제 패밀리 [시네코코쿠스 종
PCC 7335]
- 314 [YP_001798665.1](#) 추정 TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142]
>ref|ZP_08976129.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[시아노테세 종 ATCC 51472] >gb|ACB54611.1| 추정
TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142]
>gb|EHC20600.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[시아노테세 종 ATCC 51472]
- 315 [YP_002235496.1](#) 추정 접합 전달 단백질 [부르크홀데리아 세노세파시아
J2315] >emb|CAR57767.1| 추정 접합 전달 단백질
[부르크홀데리아 세노세파시아 J2315]
- 316 [CAZ15872.1](#) 개연적 고정화 단백질 trai [크산토모나스 알빌리네안스]
- 317 [YP_840564.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 세노세파시아 HI2424]
>gb|ABK13671.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아
세노세파시아 HI2424]
- 318 [ZP_08207332.1](#) TrwC 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM
19370] >gb|EGD60647.1| TrwC 단백질 [노보스핑고비움
니트로게니피겐스 DSM 19370]

[0205]

- 319 [YP_001966297.1](#) TraI [슈도모나스 종 CT14] >gb|ABA25997.1| TraI
[슈도모나스 종 CT14]
- 320 [3L6T_A](#) 쇠 A, 플라스미드 PcuI Trai 릴렉사제 도메인의 N-말단
돌연변이체의 결정 구조 >pdb|3L6T|B 쇠 B, 플라스미드
PcuI Trai 릴렉사제 도메인의 N-말단 돌연변이체의 결정
구조
- 321 [YP_001736290.1](#) DNA 헬리카제, TrwC 및 TraI 유사 단백질 [시네토코쿠스
종 PCC 7002] >gb|ACB01034.1| DNA 헬리카제, TrwC 및
TraI 유사 단백질 [시네토코쿠스 종 PCC 7002]
- 322 [3L57_A](#) 쇠 A, 플라스미드 PcuI Trai 릴렉사제 도메인의 결정 구조
>pdb|3L57|B 쇠 B, 플라스미드 PcuI Trai 릴렉사제
도메인의 결정 구조
- 323 [ZP_04532999.1](#) F 필린 아세틸화 단백질 [에스케리키아 종 3_2_53FAA]
>gb|EEH89558.1| F 필린 아세틸화 단백질 [에스케리키아
종 3_2_53FAA] >gb|AEQ15924.1| 가설 단백질 CE10_A57
[에스케리키아 콜라이 O7:K1 균주 CE10]
- 324 [CAA40677.1](#) DNA 헬리카제 I [에스케리키아 콜라이]
- 325 [NP_478459.1](#) 가설 단백질 alr8034 [노스톡 종 PCC 7120]
>dbj|BAB77364.1| alr8034 [노스톡 종 PCC 7120]
- 326 [YP_001893556.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [부르크홀데리아
피토피르만스 PsJN] >gb|ACD21627.1| 접합 릴렉사제
도메인 단백질 [부르크홀데리아 피토피르만스 PsJN]
- 327 [YP_001033863.1](#) 가설 단백질 RSP_3904 [로도박터 스파에로이테스 2.4.1]
>gb|ABA81758.1| TraI [로도박터 스파에로이테스 2.4.1]
- 328 [ZP_06064648.1](#) TrwC 단백질 [아시네토박터 존소나이 SH046]
>gb|EEY94851.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 존소나이
SH046]
- 329 [YP_003829308.1](#) 니카제/헬리카제 [에스케리키아 콜라이] >gb|ADL14202.1|
TraI [에스케리키아 콜라이]
- 330 [YP_002332893.1](#) 접합 전달 단백질 [클레브시엘라 뉴모니아에]
>ref|YP_004558187.1| 접합 전달 니카제 및 헬리카제
[에스케리키아 콜라이] >gb|ABY74412.1| 접합 전달 단백질
[클레브시엘라 뉴모니아에] >emb|CCA62519.1| 접합 전달
니카제 및 헬리카제 [에스케리키아 콜라이]
- 331 [YP_002286896.1](#) TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ACI63157.1| TraI

[0206]

- [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 332 [YP_003813077.1](#) TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADG84846.1| TraI
[클레브시엘라 뉴모니아에]
- 333 [YP_002286953.1](#) TraI [클레브시엘라 뉴모니아에] >ref|YP_003675776.1| TraI
[클레브시엘라 옥시토카 KOX105] >gb|ACI63011.1| TraI
[클레브시엘라 뉴모니아에] >gb|ADH29543.1| TraI
[클레브시엘라 옥시토카 KOX105]
- 334 [YP_001096334.1](#) 가설 단백질 pLEW517_p09 [에스케리키아 콜라이]
>ref|YP_001551814.1| TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종
엔테리카 혈청형 더블린] >ref|YP_003717510.1| TraI
[에스케리키아 콜라이 O25b:H4-ST131 균주 EC958]
>gb|ABG49173.1| 가설 단백질 [에스케리키아 콜라이]
>dbj|BAF93119.1| TraI 단백질 [살모넬라 엔테리카 아종
엔테리카 혈청형 더블린] >gb|ADH29995.1| TraI
[에스케리키아 콜라이 O25b:H4-ST131 균주 EC958]
- 335 [YP_724504.1](#) 가설 단백질 pMUR050_047 [에스케리키아 콜라이]
>gb|AAD27542.1|AF109305_3 고정화 단백질 TraI
[에스케리키아 콜라이] >gb|ABG33823.1| TraI [에스케리키아
콜라이]
- 336 [NP_511201.1](#) 가설 단백질 R46_023 [IncN 플라스미드 R46]
>gb|AAB97287.1| TraI [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카
혈청형 티피뮤리움] >gb|AAL13397.1| TraI [IncN 플라스미드
R46]
- 337 [ADH30046.1](#) 집합 전달 단백질 [에스케리키아 콜라이 O25b:H4-ST131
균주 EC958]
- 338 [YP_002913254.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1]
>gb|ACR32934.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에
BGR1]
- 339 [YP_004362462.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글라디올리 BSR3]
>gb|AEA65432.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아
글라디올리 BSR3]
- 340 [ZP_02468056.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 타일란텐시스 MSMB43]
- 341 [YP_001840913.1](#) TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 ACICU]
>gb|ACC59035.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이
ACICU]

[0207]

- 342 [ZP_07239267.1](#) TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 AB059]
- 343 [YP_003853339.1](#) TrwC 단백질 [파르불라르쿨라 베르무텐시스 HTCC2503]
>gb|ADM08198.1| TrwC 단백질 [파르불라르쿨라 베르무텐시스 HTCC2503]
- 344 [ZP_07237891.1](#) TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 AB058]
>gb|EGT92899.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 ABNIH3]
- 345 [YP_002491522.1](#) 집합 킬렉사제 도메인-함유 단백질 [아나에로믹소박터 테할로게난스 2CP-1] >gb|ACL64456.1| 집합 킬렉사제 도메인 단백질 [아나에로믹소박터 테할로게난스 2CP-1]
- 346 [YP_002907678.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1]
>gb|ACR32827.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1]
- 347 [YP_004350971.1](#) TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글라디올리 BSR3]
>gb|AEA65648.1| TrwC 단백질 [부르크홀데리아 글라디올리 BSR3]
- 348 [ZP_02834825.2](#) 단백질 TraD [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 웰테브레텐 균주 HI_N05-537] >gb|EDZ27609.1| 단백질 TraD [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 웰테브레텐 균주 HI_N05-537]
- 349 [ADX05370.1](#) TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 1656-2]
>gb|ADX94381.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 TCDC-AB0715] >gb|EGK45622.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니이 AB210]
- 350 [YP_003552078.1](#) TrwC 단백질 [칸디다투스 푸니세이스피릴룸 마리눔 IMCC1322] >gb|ADE39994.1| TrwC 단백질 [칸디다투스 푸니세이스피릴룸 마리눔 IMCC1322]
- 351 [EGB59894.1](#) traI 단백질 [에스케리키아 콜라이 M863]
- 352 [YP_001522461.1](#) 가설 단백질 AM1_F0157 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW33028.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 353 [ZP_05738733.1](#) 단백질 TraI [실리시박터 중 TrichCH4B] >gb|EEW61008.1| 단백질 TraI [실리시박터 중 TrichCH4B]

[0208]

- 354 [AEM77047.1](#) 추정 접합 릴렉사제 [에스케리키아 콜라이]
- 355 [EHC71302.1](#) IncW 플라스미드 접합 릴렉사제 단백질 TrwC [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 몬테비데오 균주 S5-403]
- 356 [YP_004765041.1](#) TraI [에스케리키아 콜라이] >gb|AEK64833.1| TraI [에스케리키아 콜라이]
- 357 [YP_004553102.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [스핑고비움 클로로페놀리쿰 L-1] >gb|AEG48596.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [스핑고비움 클로로페놀리쿰 L-1]
- 358 [NP_073253.1](#) 가설 단백질 pKDSC50_p29 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스] >dbj|BAB20536.1| orf29 [살모넬라 엔테리카 아종 엔테리카 혈청형 콜레라에수이스]
- 359 [YP_004535774.1](#) DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 TrwC [노보스핑고비움 종 PP1Y] >emb|CCA93956.1| DNA 릴렉사제/접합 전달 니카제-헬리카제 TrwC [노보스핑고비움 종 PP1Y]
- 360 [AEA76430.1](#) VirD2 [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 361 [YP_001806422.1](#) 추정 TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142] >ref|ZP_08974453.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51472] >gb|ACB54356.1| 추정 TrwC/TraI 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51142] >gb|EHC22136.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 ATCC 51472]
- 362 [ZP_08138981.1](#) TrwC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51] >gb|EGB99721.1| TrwC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51]
- 363 [YP_394134.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [숄푸리모나스 데니트리피칸스 DSM 1251] >gb|ABB44899.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [숄푸리모나스 데니트리피칸스 DSM 1251]
- 364 [EGQ61142.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디티오바실루스 종 GGI-221]
- 365 [ZP_06732944.1](#) TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535] >gb|EFF45919.1| TraI 단백질 [크산토모나스 푸스칸스 아종 아우란티폴리이 균주 ICPB 10535]
- 366 [YP_004218965.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 종

[0209]

- MP5ACTX9] >gb|ADW70185.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 중 MP5ACTX9]
- 367 YP_001941994.1 릴렉사제 [부르크홀데리아 멀티보란스 ATCC 17616]
>dbj|BAG48004.1| 릴렉사제 [부르크홀데리아 멀티보란스
ATCC 17616]
- 368 EDZ39520.1 미지의 기능의 단백질 [렙토스피릴룸 중 균 II '5-경로 CG']
- 369 YP_004415459.1 TrwC 단백질 [푸실리모나스 중 T7-7] >gb|AEC18835.1| TrwC
[푸실리모나스 중 T7-7]
- 370 YP_003545248.1 traI/trwC-유사 단백질 [스핑크비움 자포니쿰 UT26S]
>dbj|BAI96636.1| traI/trwC-유사 단백질 [스핑크비움 자포니쿰
UT26S]
- 371 YP_004184501.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [테리글로부스 사아넨시스
SP1PR4] >gb|ADV84507.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4]
- 372 EGD06685.1 릴렉사제 [부르크홀데리아 중 TJI49]
- 373 ADQ53945.1 추정 접합 전달 단백질 [비브리오 하르베이]
- 374 YP_004089509.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아스틱카카울리스
엑센트리쿠스 CB 48] >gb|ADU15358.1| 접합 릴렉사제 도메인
단백질 [아스틱카카울리스 엑센트리쿠스 CB 48]
- 375 YP_004183694.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [테리글로부스 사아넨시스
SP1PR4] >gb|ADV83700.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4]
- 376 YP_003900289.1 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [시아노테세 중 PCC 7822]
>gb|ADN18223.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세
중 PCC 7822]
- 377 EDZ40407.1 추정 고정화 단백질 TraA [렙토스피릴룸 중 균 II '5-경로 CG']
- 378 YP_004534918.1 TrwC 단백질 [노보스핑크비움 중 PP1Y] >emb|CCA93100.1|
TrwC 단백질 [노보스핑크비움 중 PP1Y]
- 379 YP_004210530.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 중
MP5ACTX9] >gb|ADW71403.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 중 MP5ACTX9]
- 380 YP_003642130.1 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [티오모나스 인터메디아 K12]
>gb|ADG29800.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [티오모나스
인터메디아 K12]
- 381 YP_004277247.1 추정 릴렉사제 TrwC [아시디필리움 멀티보룸 AIU301]

[0210]

- >dbj|BAJ83174.1| 추정 릴렉사제 TrwC [아시디필리움
멀티보룸 AIU301]
- 382 [NP_857772.1](#) DNA 헬리카제 I [에르시니아 페스티스 KIM]
>gb|AAC62598.1| DNA 헬리카제 I 상동체 [에르시니아
페스티스 KIM 10]
- 383 [EGB74534.1](#) 가설 단백질 HMPREF9532_05052 [에스케리키아 콜라이 MS
57-2]
- 384 [ZP_08138968.1](#) 추정 TraC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51] >gb|EGB99738.1|
추정 TraC 단백질 [슈도모나스 종 TJI-51]
- 385 [YP_002756187.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼
ATCC 51196] >gb|ACO33202.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 386 [ZP_07392869.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [쉐와넬라 발티카 OS183]
>gb|EFM14850.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [쉐와넬라
발티카 OS183]
- 387 [YP_004210680.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 종
MP5ACTX9] >gb|ADW71553.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 종 MP5ACTX9]
- 388 [EAY56629.1](#) 개연적 TrwC 단백질 [렙토스피릴룸 루바룸] >gb|EDZ40199.1|
개연적 TrwC 단백질 [렙토스피릴룸 종 균 II '5-경로 CG']
- 389 [YP_068423.1](#) 가설 단백질 pYV0010 [에르시니아 슈도투베르쿨로시스 IP
32953] >ref|YP_636862.1| 가설 단백질 YPA_CD0064
[에르시니아 페스티스 안티쿠아] >ref|YP_001154654.1| 가설
단백질 YPDSF_4027 [에르시니아 페스티스 페스토이데스 F]
>ref|ZP_02223644.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 F1991016]
>ref|ZP_02228817.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 IP275]
>ref|ZP_02240536.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 B42003004]
>ref|ZP_02307420.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI, 축중성
[에르시니아 페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 UG05-0454]
>ref|ZP_02314239.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 MG05-1020]
>ref|YP_001874636.1| 가설 단백질 YPTS_4236 [에르시니아

[0211]

슈도투베르쿨로시스 PB1/+] >ref|ZP_04512059.1| 가설 단백질
 YPS_4743 [에르시니아 페스티스 페스토이테스 A]
 >ref|ZP_04515390.1| 가설 단백질 YPF_4781 [에르시니아
 페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 인디아 195]
 >ref|ZP_06208241.1| 보존된 가설 단백질 [에르시니아
 페스티스 KIM D27] >ref|YP_003560562.1| 가설 단백질
 YPZ3_pCD0057 [에르시니아 페스티스 Z176003]
 >emb|CAF25353.1| 가설 단백질 pYV0010 [에르시니아
 슈도투베르쿨로시스 IP 32953] >gb|ABG16308.1| 보존된 가설
 단백질 [에르시니아 페스티스 안티쿠아] >gb|ABP42364.1|
 보존된 가설 단백질 [에르시니아 페스티스 페스토이테스 F]
 >gb|EDR30419.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
 페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 IP275]
 >gb|EDR37549.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
 페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 F1991016]
 >gb|EDR48790.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
 페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 B42003004]
 >gb|EDR55744.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI [에르시니아
 페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주 MG05-1020]
 >gb|EDR60070.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI, 축중성
 [에르시니아 페스티스 비오바르 안티쿠아 균주 UG05-0454]
 >gb|ACC91179.1| 보존된 가설 단백질 [에르시니아
 슈도투베르쿨로시스 PB1/+] >gb|EEO78854.1| 가설 단백질
 YPF_4781 [에르시니아 페스티스 비오바르 오리엔탈리스 균주
 인디아 195] >gb|EEO88209.1| 가설 단백질 YPS_4743
 [에르시니아 페스티스 페스토이테스 A] >gb|ACY64369.1|
 가설 단백질 YPD8_pCD0058 [에르시니아 페스티스 D182038]
 >gb|EFA45691.1| 보존된 가설 단백질 [에르시니아 페스티스
 KIM D27] >gb|ADE66510.1| 가설 단백질 YPZ3_pCD0057
 [에르시니아 페스티스 Z176003] >gb|ADW01081.1| 가설
 단백질 YPCD1.84c [에르시니아 페스티스 비오바르
 메디에발리스 균주 하르빈 35]
 390 NP_995413.1 가설 단백질 YP_pCD97 [에르시니아 페스티스 비오바르
 미크로투스 균주 91001] >ref|YP_001293896.1| 가설 단백질
 YPE_4171 [에르시니아 페스티스 CA88-4125]

[0212]

- >ref|YP_004209998.1| DNA 헬리카제 TraI [에르시니아 페스티스 자바 9] >gb|AAC69825.1| 추정 DNA 헬리카제 [에르시니아 페스티스 KIM 10] >emb|CAB54961.1| 가설 단백질 YPCD1.84c [에르시니아 페스티스 CO92]
- >gb|AAS58604.1| 가설 단백질 YP_pCD97 [에르시니아 페스티스 비오바르 미크로투스 균주 91001] >gb|ABR14812.1| 가설 단백질 YPCD1.84c [에르시니아 페스티스 CA88-4125]
- >gb|ACY60596.1| 가설 단백질 YPD4_pCD0057 [에르시니아 페스티스 D106004] >gb|ADW66982.1| 추정 DNA 헬리카제 TraI, 축중성 [에르시니아 페스티스 자바 9]
- 391 [ZP_08634947.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디필리움 종 PM] >gb|EGO93257.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디필리움 종 PM]
- 392 [ZP_01301850.1](#) 가설 단백질 SKA58_02210 [스펑고모나스 종 SKA58] >gb|EAT10555.1| 가설 단백질 SKA58_02210 [스펑고모나스 종 SKA58]
- 393 [YP_002754293.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196] >gb|ACO32493.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 394 [YP_001818827.1](#) 집합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1] >gb|ACB75227.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1]
- 395 [EGT71208.1](#) 가설 단백질 C22711_5244 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 396 [YP_001522273.1](#) 가설 단백질 AM1_E0190 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW32959.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 397 [YP_003891048.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7822] >gb|ADN18683.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7822]
- 398 [YP_001521867.1](#) 가설 단백질 AM1_D0057 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW32552.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 399 [YP_004748378.1](#) TraI 단백질 [아시디티오바실루스 칼두스 SM-1] >gb|AEK57678.1| 추정 TraI 단백질 [아시디티오바실루스

[0213]

- 칼두스 SM-1]
- 400 [YP_002380579.1](#) 릴렉사제 [시아노테세 종 PCC 7424] >gb|ACK74122.1| 집합
릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7424]
- 401 [ZP_08634902.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디필리움 종 PM]
>gb|EGO93301.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시디필리움 종 PM]
- 402 [ZP_05738878.1](#) TraI [실리시박터 종 TrichCH4B] >gb|EEW61153.1| TraI
[실리시박터 종 TrichCH4B]
- 403 [YP_001821352.1](#) 집합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-
1] >gb|ACB77752.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[오피투투스 테라에 PB90-1]
- 404 [ZP_02733385.1](#) TrwC 단백질 [꺽마타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 405 [YP_004183160.1](#) 집합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [테리글로부스 사아넨시스
SP1PR4] >gb|ADV83166.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4]
- 406 [YP_001522155.1](#) TrwC 단백질, 추정 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
>gb|ABW32841.1| TrwC 단백질, 추정 [아카리오클로리스
마리나 MBIC11017]
- 407 [YP_002478348.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세 종 PCC 7425]
>gb|ACL47649.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [시아노테세
종 PCC 7425]
- 408 [YP_002756241.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼
ATCC 51196] >gb|ACO34343.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 409 [YP_001521036.1](#) 가설 단백질 AM1_A0387 [아카리오클로리스 마리나
MBIC11017] >gb|ABW31505.1| 보존된 가설 단백질
[아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 410 [YP_004416953.1](#) TrwC 단백질 [푸실리모나스 종 T7-7] >gb|AEC20329.1| TrwC
[푸실리모나스 종 T7-7]
- 411 [YP_001521806.1](#) 가설 단백질 AM1_C0379 [아카리오클로리스 마리나
MBIC11017] >gb|ABW32306.1| 보존된 가설 단백질
[아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 412 [YP_001357151.1](#) 가설 단백질 NIS_1688 [니트라티룸토르 종 SB155-2]
>dbj|BAF70794.1| 보존된 가설 단백질 [니트라티룸토르 종
SB155-2]

[0214]

- 413 [ZP_07030639.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 중 MP5ACTX8] >gb|EF157018.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 중 MP5ACTX8]
- 414 [YP_530542.1](#) 추정 ATP-의존성 엑소DNAse (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [로도슈도모나스 팔루스트리스 BisB18] >gb|ABD86223.1| 추정 ATP-의존성 엑소DNAse (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 [로도슈도모나스 팔루스트리스 BisB18]
- 415 [NP_052442.1](#) 가설 단백질 pYVe227_p65 [에르시니아 엔테로콜리티카] >ref|YP_004424975.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에르시니아 엔테로콜리티카 아종 팔레아르크티카 105.5R(r)] >gb|AAD16862.1| TraI [에르시니아 엔테로콜리티카 W22703] >gb|ADZ44506.1| 접합 전달 릴렉사제 단백질 TraI [에르시니아 엔테로콜리티카 아종 팔레아르크티카 105.5R(r)]
- 416 [YP_004783051.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3] >gb|AEM46725.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디티오바실루스 페리보란스 SS3]
- 417 [YP_003262832.1](#) 릴렉사제 [할로티오바실루스 네아폴리타누스 c2] >gb|ACX95785.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [할로티오바실루스 네아폴리타누스 c2]
- 418 [ADQ53973.1](#) 추정 접합 전달 단백질 [비브리오 하르베이]
- 419 [EDZ37984.1](#) 접합 전달 단백질, TraA [렙토스피릴룸 중 군 II '5-경로 CG'] >gb|EES53692.1| 추정 접합 전달 단백질 (TraA) [렙토스피릴룸 페로디아조트로폼]
- 420 [YP_001522591.1](#) 가설 단백질 AM1_G0097 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW33277.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 421 [EAY56417.1](#) 추정 접합 전달 단백질 (TraA) [렙토스피릴룸 루바룸]
- 422 [YP_459829.1](#) 가설 단백질 ELI_14700 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594] >gb|ABC65032.1| 가설 단백질 ELI_14700 [에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594]
- 423 [YP_001818081.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1] >gb|ACB74481.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [오피투투스 테라에 PB90-1]
- 424 [ZP_07745472.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [무실라기니박터 팔루디스 DSM 18603] >gb|EFQ78684.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질

[0215]

- [무실라기니박터 팔루디스 DSM 18603]
- 425 [CBA73957.1](#) 집합 전달 니카제/헬리카제 TraI [아르세노포누스 나소니아에]
- 426 [YP_002248140.1](#) 가설 단백질 THEYE_A0292 [썬모데솔포비브리요
엘로우스토니아 DSM 11347] >gb|ACI21318.1| 가설 단백질
THEYE_A0292 [썬모데솔포비브리요 엘로우스토니아 DSM
11347]
- 427 [ZP_06641691.1](#) 보존된 가설 단백질 [세라티아 오토리페라 DSM 4582]
>gb|EFE93295.1| 보존된 가설 단백질 [세라티아 오토리페라
DSM 4582]
- 428 [ZP_05056614.1](#) TrwC 릴렉사제 패밀리 [베루코미크로비아에 박테리움
DG1235] >gb|EDY81754.1| TrwC 릴렉사제 패밀리
[베루코미크로비아에 박테리움 DG1235]
- 429 [ZP_03723740.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [오피투타세아에 박테리움
TAV2] >gb|EEG22230.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[오피투타세아에 박테리움 TAV2]
- 430 [YP_004210579.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도박테리움 종
MP5ACTX9] >gb|ADW71452.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[아시도박테리움 종 MP5ACTX9]
- 431 [YP_001522671.1](#) 가설 단백질 AM1_H0004 [아카리오클로리스 마리나
MBIC11017] >gb|ABW33357.1| 보존된 가설 단백질
[아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 432 [YP_001573657.1](#) 집합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [부르크홀데리아
멀티보란스 ATCC 17616] >gb|ABX19857.1| 집합 릴렉사제
도메인 단백질 [부르크홀데리아 멀티보란스 ATCC 17616]
- 433 [EDZ39038.1](#) 집합 단백질, TraA [렙토스피릴룸 종 군 II '5-경로 CG']
- 434 [YP_001632380.1](#) 집합 전달 단백질 [보르데텔라 페트리이 DSM 12804]
>emb|CAP44112.1| 집합 전달 단백질 [보르데텔라 페트리이]
- 435 [ZP_06242489.1](#) 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [빅티발리스 바텐시스 ATCC
BAA-548] >gb|EFB01386.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질
[빅티발리스 바텐시스 ATCC BAA-548]
- 436 [EDZ37956.1](#) 집합 단백질, TraA [렙토스피릴룸 종 군 II '5-경로 CG']
- 437 [YP_004488214.1](#) 집합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [텔프티아 종 Cs1-4]
>gb|AEF89859.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [텔프티아 종
Cs1-4]
- 438 [ZP_00208504.1](#) COG0507: ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파

[0216]

- 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [마그네토스피릴룸 마그네토타키툼 MS-1]
- 439 [ACJ47794.1](#) TraI [클레브시엘라 뉴모니아에]
- 440 [ZP_02730551.1](#) TrwC 단백질 [젠타타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 441 [ZP_06244759.1](#) TrwC 릴렉사제 [빅티발리스 바덴시스 ATCC BAA-548]
>gb|EFA99396.1| TrwC 릴렉사제 [빅티발리스 바덴시스 ATCC BAA-548]
- 442 [YP_003022160.1](#) 릴렉사제 [게오박터 중 M21] >gb|ACT18402.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [게오박터 중 M21]
- 443 [YP_001521304.1](#) 가설 단백질 AM1_B0272 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017] >gb|ABW31991.1| 보존된 가설 단백질 [아카리오클로리스 마리나 MBIC11017]
- 444 [ZP_01091846.1](#) 가설 단백질 DSM3645_02833 [블라스토피렐룰라 마리나 DSM 3645] >gb|EAQ79376.1| 가설 단백질 DSM3645_02833 [블라스토피렐룰라 마리나 DSM 3645]
- 445 [CAZ88117.1](#) 추정 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V), 알파 서브유닛-헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원 [티오모나스 중 3As]
- 446 [YP_004718365.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [술포바실루스 아시도필루스 TPY] >gb|AEJ38622.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [술포바실루스 아시도필루스 TPY]
- 447 [YP_002553030.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [아시도보락스 에브레우스 TPSY] >gb|ACM33030.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시도보락스 에브레우스 TPSY]
- 448 [YP_003386820.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [스피로소마 링구알레 DSM 74] >gb|ADB38021.1| 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [스피로소마 링구알레 DSM 74]
- 449 [YP_001119893.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [부르크홀데리아 비에트나미엔시스 G4] >gb|ABO55058.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [부르크홀데리아 비에트나미엔시스 G4]
- 450 [YP_315444.1](#) 추정 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [티오마실루스 데니트리피칸스 ATCC 25259] >gb|AAZ97639.1| 추정 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 [티오마실루스

[0217]

- 테니트리피칸스 ATCC 25259]
- 451 [YP_003071370.1](#) 가설 단백질 p2METDI0024 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4] >emb|CAX17153.1| 가설 단백질 p2METDI0024 [메틸로박테리움 엑스토르쿠엔스 DM4]
- 452 [YP_003125939.1](#) 집합 릴렉사제 [키티노파가 피넨시스 DSM 2588] >gb|ACU63738.1| 집합 릴렉사제 도메인 단백질 [키티노파가 피넨시스 DSM 2588]
- 453 [ZP_08495729.1](#) TrwC 릴렉사제 [미크로콜레우스 바기나투스 FGP-2] >gb|EGK83455.1| TrwC 릴렉사제 [미크로콜레우스 바기나투스 FGP-2]
- 454 [EFZ53417.1](#) traI 도메인 단백질 [시겔라 손네이 53G]
- 455 [EGR70910.1](#) 집합 전달 니카제/헬리카제 TraI [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 LB226692] >gb|EGT71210.1| 가설 단백질 C22711_5246 [에스케리키아 콜라이 O104:H4 균주 C227-11]
- 456 [YP_002912178.1](#) ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1] >gb|ACR29474.1| 추정 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 서브유닛 알파 [부르크홀데리아 글루마에 BGR1]
- 457 [ZP_01089566.1](#) 가설 단백질 DSM3645_27912 [블라스토피렐라 마리나 DSM 3645] >gb|EAQ81482.1| 가설 단백질 DSM3645_27912 [블라스토피렐라 마리나 DSM 3645]
- 458 [YP_002753784.1](#) DNA 헬리카제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196] >gb|ACO31544.1| DNA 헬리카제 도메인 단백질 [아시도박테리움 캡슐라툼 ATCC 51196]
- 459 [EFZ60916.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 LT-68]
- 460 [ZP_08262009.1](#) 단백질 traI [아스틱카카울리스 비프로스테쿰 C19] >gb|EGF93811.1| 단백질 traI [아스틱카카울리스 비프로스테쿰 C19]
- 461 [AEI11045.1](#) TrwC 릴렉사제 [[셀비브리오] 길부스 ATCC 13127]
- 462 [ZP_05040209.1](#) 가설 단백질 S7335_1177 [시네코코쿠스 종 PCC 7335] >gb|EDX82473.1| 가설 단백질 S7335_1177 [시네코코쿠스 종 PCC 7335]
- 463 [YP_001840830.1](#) ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 마리눔 M] >gb|ACC43896.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 마리눔 M]

[0218]

- >emb|CAM59642.2| TraA/ATP-의존성 엑소 DNase/릴렉사제
[미코박테리움 아브세투스]
- 464 [YP_001700713.1](#) TraA/ATP-의존성 엑소 DNase/릴렉사제 [미코박테리움
아브세투스 ATCC 19977]
- 465 [CAC86586.1](#) 접합 전달 단백질 [아그로박테리움 투메파시엔스]
- 466 [NP_355808.2](#) 접합 단백질 [아그로박테리움 투메파시엔스 균주 C58]
>gb|AAK88593.2| 접합 단백질 [아그로박테리움 투메파시엔스
균주 C58]
- 467 [YP_001120496.1](#) 가설 단백질 Bcep1808_2669 [부르크홀데리아
비에트나미엔시스 G4] >gb|ABO55661.1| 가설 단백질
Bcep1808_2669 [부르크홀데리아 비에트나미엔시스 G4]
- 468 [EGW76304.1](#) 단백질 traI 도메인 단백질 [에스케리키아 콜라이 STEC_B2F1]
- 469 [YP_002979543.1](#) Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv.
트리폴리이 WSM1325] >gb|ACS61298.1| Ti-유형 접합 전달
릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리이
WSM1325]
- 470 [EHB44041.1](#) TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 로테시아에 JS60]
- 471 [YP_002984810.1](#) Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv.
트리폴리이 WSM1325] >gb|ACS59848.1| Ti-유형 접합 전달
릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리이
WSM1325]

[0219]

- 472 [ZP_06848350.1](#) ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로폴라세움 ATCC BAA-614] >gb|EFG78300.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로폴라세움 ATCC BAA-614]
- 473 [YP_001972793.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraA [스테노트로포모나스 말토필리아 K279a] >emb|CAQ46500.1| 추정 접합 전달 단백질 TraA [스테노트로포모나스 말토필리아 K279a]
- 474 [ZP_06760230.1](#) 추정 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [베일로넬라 중 3_1_44] >gb|EFG22831.1| 추정 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [베일로넬라 중 3_1_44]
- 475 [YP_001840914.1](#) TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니 ACICU] >gb|ACC59036.1| TrwC 단백질 [아시네토박터 바우만니 ACICU]
- 476 [YP_003311407.1](#) TrwC 릴렉사제 [베일로넬라 파르불라 DSM 2008] >gb|ACZ24127.1| TrwC 릴렉사제 [베일로넬라 파르불라 DSM 2008]
- 477 [ZP_08208016.1](#) TrwC 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM 19370] >gb|EGD59848.1| TrwC 단백질 [노보스핑고비움 니트로게니피겐스 DSM 19370]
- 478 [XP_003342708.1](#) 가설 단백질 SMAC_10304 [소르다리아 마크로스포라 k-hell] >emb|CBI60879.1| 명칭이 정해지지 않은 단백질 생성물 [소르다리아 마크로스포라]
- 479 [YP_004074482.1](#) TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 중 Spyr1] >gb|ADU02001.1| TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 중 Spyr1]
- 480 [YP_935511.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [미코박테리움 중 KMS] >gb|ABL94696.1| ATP-의존성 엑소 DNAse (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [미코박테리움 중 KMS]
- 481 [YP_004100308.1](#) TrwC 릴렉사제 [인트라스포랑기움 칼븀 DSM 43043] >gb|ADU49581.1| TrwC 릴렉사제 [인트라스포랑기움 칼븀 DSM 43043]
- 482 [YP_003326911.1](#) TrwC 릴렉사제 [실라니모나스 셀룰로실리티카 DSM 15894] >gb|ACZ31353.1| TrwC 릴렉사제 [실라니모나스 셀룰로실리티카 DSM 15894]
- 483 [YP_001136860.1](#) 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [미코박테리움 길븀 PYR-

[0220]

- GCK] >gb|ABP48072.1| ATP-의존성 엑소 DNase
(엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I
구성원-유사 단백질 [미코박테리움 길봄 PYR-GCK]
- 484 [YP_001776789.1](#) 접합 릴렉사제 도메인-함유 단백질 [메틸로박테리움
라디오톨레란스 JCM 2831] >gb|ACB28273.1| 접합 릴렉사제
도메인 단백질 [메틸로박테리움 라디오톨레란스 JCM 2831]
- 485 [NP_862296.1](#) 전달 단백질 상동체 TraA [코리네박테리움 글루타미쿰]
>gb|AAG00272.1|AF164956_4 전달 단백질 상동체 TraA
[코리네박테리움 글루타미쿰]
- 486 [YP_001851874.1](#) ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움
마리눔 M] >gb|ACC42019.1| ATP-의존성 엑소 DNase
(엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 마리눔 M]
- 487 [AAS20144.1](#) TraA-유사 단백질 [아르트로박터 아우레센스]
- 488 [YP_949993.1](#) 추정 TraA-유사 단백질 [아르트로박터 아우레센스 TC1]
>gb|ABM10415.1| 추정 TraA-유사 단백질 [아르트로박터
아우레센스 TC1]
- 489 [YP_004271377.1](#) TrwC 릴렉사제 [플랑크토미세스 브라실리엔시스 DSM 5305]
>gb|ADY61355.1| TrwC 릴렉사제 [플랑크토미세스
브라실리엔시스 DSM 5305]
- 490 [YP_001243088.1](#) 추정 ATP-의존성 엑소 DNase [브라디리조비움 종 BTai1]
>gb|ABQ39182.1| 추정 ATP-의존성 엑소 DNase
[브라디리조비움 종 BTai1]
- 491 [YP_771309.1](#) 추정 접합 전달 단백질 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv.
비시아에 3841] >emb|CAK03225.1| 추정 접합 전달 단백질
TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 비시아에 3841]
- 492 [ZP_02730298.1](#) TrwC 단백질 [겔마타 오브스큐리글로부스 UQM 2246]
- 493 [EGQ61143.1](#) 접합 릴렉사제 도메인 단백질 [아시디티오바실루스 종 GGI-
221]
- 494 [YP_002978744.1](#) Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸
bv. 트리폴리 WSM1325] >gb|ACS60993.1| Ti-유형 접합
전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리
WSM1325]
- 495 [YP_002973152.1](#) Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸
bv. 트리폴리 WSM1325] >gb|ACS59191.1| Ti-유형 접합
전달 릴렉사제 TraA [리조비움 레구미노사룸 bv. 트리폴리

[0221]

- WSM1325]
- 496 ZP_06846967.1 ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로풀라세움 ATCC BAA-614] >gb|EFG79701.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) [미코박테리움 파라스크로풀라세움 ATCC BAA-614]
- 497 YP_003377696.1 TraA [코리네박테리움 글루타미쿰] >dbj|BAI66031.1| TraA, 코리네박테리움 글루타미쿰 LP-6 플라스미드 pGA2
- 498 ZP_06846356.1 Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [부르크홀데리아 종 Ch1-1] >gb|EFG66015.1| Ti-유형 접합 전달 릴렉사제 TraA [부르크홀데리아 종 Ch1-1]
- 499 YP_001136826.1 엑소뉴클레아제 V 서브유닛 알파 [미코박테리움 길분 PYR-GCK] >ref|YP_004074551.1| TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 종 Spyr1] >gb|ABP48038.1| ATP-의존성 엑소 DNase (엑소뉴클레아제 V) 알파 서브유닛 - 헬리카제 슈퍼패밀리 I 구성원-유사 단백질 [미코박테리움 길분 PYR-GCK] >gb|ADU02070.1| TrwC 릴렉사제 [미코박테리움 종 Spyr1]
- 500 YP_949954.1 추정 TraA-유사 접합 전달 단백질 [아르트로박터 아우레센스

[0222]

[0223]

TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제는 보다 바람직하게는 하기 표 7에 나타난 헬리카제 중 하나 또는 그의 변이체이다. TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제는 보다 바람직하게는 표 7에 나타난 헬리카제 중 하나의 서열, 즉 서열 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 하나, 또는 그의 변이체를 포함한다.

[0224] 표 7 - 보다 바람직한 TraI 헬리카제 및 TraI 하위군 헬리카제

서열 번호	명칭	균주	NCBI 참조	TraI Eco에 대한 동일성%	RecD- 유사 모티프 I (서열 번호)	RecD- 유사 모티프 V (서열 번호)	Mob F 또는 Q 모티프 III (서열 번호)
61	TraI Eco	에스케리키아 콜라이	NCBI 참조 서열: NP_061483.1 진뱅크 AAQ98619.1	-	GYAGV GKT (62)	YAITA HGAQG (63)	HDTSR DQEPQ LHTH (64)
65	TrwC Cba	시트로미크로 비움 배티오마리눔 JL354	NCBI 참조 서열: ZP_06861556.1	15%	GIAGA GKS (66)	YALNV HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (68)
69	TrwC Hne	할로티오바실 루스 네아폴리타누 스 c2	NCBI 참조 서열: YP_003262832.1	11.5%	GAAGA GKT (70)	YCITI RSQG (71)	HEDAR TVDDI ADPQL HTH (72)
73	TrwC Eli	에리트로박터 리토랄리스 HTCC2594	NCBI 참조 서열: YP_457045.1	16%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (68)
74	TrwC Eco	이.콜라이	CAA44853.2	11.998%	GFAGT GKS (75)	YATTV HSSQG (76)	HETSRE RDPQL HTH (77)
78	TraA Atu	아그로박테리 움 투메파시엔스 C58	AAC17212.1	12.68%	GRAGA GKT (79)	YATTI KSQG (80)	GMVAD WVYH DNPGN PHIH (81)
82	TrwC Sac	술포바실루스 아시도필루스 TPY	YP_004718365.1	9.487%	GAAGT GKT (83)	YASTA HKSQG (84)	HSTSR AQDPH LHSH (85)
86	TrwC Afe	아지디티오바 실루스 페리보란스 SS3	YP_004783051.1	10.247%	GHAGA GKT (87)	YAGTT HRNQG (88)	HASSR EQDPQI HSH (89)
90	TrwC Tsa	테리글로부스 사아넨시스 SP1PR4	YP_004184501.1	14.689%	GLAGT GKT (91)	YAVTS HSSQG (92)	HDTAR PVNGY AAPQL HTH (93)
94	TrwC Mph	미크로루나투 스 포스포보루스 NM-1	YP_004574196.1	11.467%	GPAGA GKT (95)	YAITA HRAQG (96)	HYDSR AGDPQ LHTH (97)
98	TrwC Tye	썬모데술포비 브리오 엘로우스토니 이 DSM 11347	YP_002248140.1	8.487%	GWAG VGKT (99)	YAVTA DHMQG (100)	HLCGR LDPQIH NH (101)

[0225]

102	TrwC Rma	로도씨무스 마리누스 SG0.5JP17- 172	YP_004826542.1	11.909%	GVAGA GKT (103)	YALTID SAQG (104)	HMTSG DGSPH LHVH (105)
106	TraA Oma	오세아니 카울리스 알렉산드리이 HTCC2633	ZP_00953568.1	12.099%	GYAGT GKS (107)	YAATI HKAQG (108)	GMIAD LVNVH WDIGE DGKAK PHAH (109)
110	TrwC Cjlt	시트로미크로 비움 중 JLT1363	ZP_08701842.1	12.371%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (111)
112	TrwC Esd	에리트로박터 중 SD-21	ZP_01863208.1	12.907%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (111)
113	TrwC Enap	에리트로박터 중 NAP1	ZP_01039301.1	12.969%	GIAGA GKS (66)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN LHFH (111)
114	TrwC Npe	노보스펑고비 움 펜타로마티보 란스 US6-1	ZP_09190449.1	12.765%	GVAGA GKS (115)	YALNA HMAQG (67)	HDTNR NQEPN AHFH (116)
117	TrwC Nni	노보스펑고비 움 나트로게니피 겐스 DSM 19370	ZP_08210392.1	11.82%	GGAGV GKS (118)	YAINV HIAQG (119)	HDVSR NNDPQ LHVH (120)
121	TrwC Swi	스펑고모나스 비티하이 RW1	YP_001260099.1	13.945%	GIAGA GKS (66)	YALNM HMAQG (122)	HDTSR ALDPQ GHIH (123)
124	TrwC Ska	스펑고모나스 중 KA1	YP_718086.1	14.119%	GVAGA GKS (115)	YALNA HMAQG (67)	HDTSR ALDPQ GHIH (123)
125	TrwC Pma	칸디다투스 푸니세이스피 릴룸 마리눔 IMCC1322	YP_003552078.1	12.91%	GRAGT GKT (126)	FASTA HGAQG (127)	HEASR NLDPQ LHSH (128)
129	TrwC Pbe	파르플라르쿨 라 베르무텐시스 HTCC2503	YP_003853339.1	13.141%	GYAGT GKT (130)	YAMTS HAAQG (131)	HDISR KDPQL HTH (132)
133	TrwC Ajs	아시도보락스 중 JS42	YP_974028.1	12.52%	GLAGT GKT (91)	YAQTV HASQG (134)	HNTSR DLDPQ THTH (135)
136	TrwC Ccr	카올로박터 크레센투스 NA1000	YP_002515847.1	13.137%	GFAGT AKT (137)	YVQTA FAAQG (138)	HETSR AQDPQ LHTH

[0226]

							(139)
140	TrwC Sal	스펩고펙시스 알라스켄시스 RB2256	YP_617529.1	14.193%	GYAGT AKT (141)	YVDTA FAAQG (142)	HGTSR AQDPQ LHTH (143)
144	TrwC Atr	아세토박티 트로피칼리스 NBRC 101654	ZP_08645753.1	13.171%	GYAGT AKT (141)	YASTA FAAQG (145)	HGTSR ALDPQ LHSH (146)
147	TrwC Aca	아시도박테리 움 캡슐라툼	YP_002756241.1	11.338%	GSAGS GKT (148)	YAVTS YSAQG (149)	HDTAR PVGGY AAPQL HTH (150)
151	TrwC Gtu	그라눌리셀라 툰드리콜라	YP_004218965.1	14.12%	GLAGT GKT (91)	YAVTS HSSQG (92)	HDTAR PVNGY AAPQL HTH (93)
152	TrwC Bmu	부르크홀테리 아 멀티보란스 ATCC 17616	YP_001941994.1	13.347%	GEAGT GKT (153)	YAHTS YKEQG (154)	HETNR ENEPQ LHNH (155)
156	TrwC Llo	레이오넬라 롱베아카에 NSW150	YP_003455306.1	11.612%	GYAGV AKT (157)	YVLTN YKVQG (158)	QPSSRA NDPAL HTH (159)
160	TrwC Aex	아스틱카카울 리스 엑센트리쿠스 CB 48	YP_004089509.1	11.86%	GSAGT GKT (161)	YSLTA NRAQG (162)	HSMSR AGDPE MHNH (163)
164	TrwC Mra	메틸로박테리 움 라디오톨레란 스 JCM 2831	YP_001776789	11.565%	AGAGT GKT (165)	YAGTV YAAQG (166)	HYTTR EGDPNI HTH (167)
168	TrwC Mpa	미코박테리움 파라스크로폴 라세움 ATCC BAA- 614	ZP_06848350	11.394%	APAGA GKT (169)	YAVTV HAAQG (170)	HETSR AGDPH LHTH (171)

[0227]

[0228]

서열 78 및 106은 MobQ 모티프 III을 포함하는 반면, 표 7에서의 다른 서열은 MobF 모티프 III을 포함한다.

[0229]

TraI 헬리카제는 바람직하게는 서열 61에 나타난 서열 또는 그의 변이체를 포함한다.

[0230]

RecD 헬리카제의 변이체는 야생형 헬리카제와 다른 아미노산 서열을 갖고 폴리뉴클레오티드 결합 활성을 보유하는 효소이다. 특히, 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나의 변이체는 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나와 다른 아미노산 서열을 갖고 폴리뉴클레오티드 결합 활성을 보유하는 효소이다. 서열 18 또는 61의 변이체는 서열 18 또는 61과 다른 아미노산 서열을 갖고 폴리뉴클레오티드 결합 활성을 보유하는 효소이다. 변이체는 헬리카제 활성을 보유한다. 헬리카제 활성을 측정하는 방법은 당업계에 공지되어 있다. 헬리카제 활성은 또한 실시예에 기재된 바와 같이 측정할 수 있다. 변이체는 하기에서 논의되는 2가지 방식 중 적어도 하나로 작동하여야 한다. 바람직하게는, 변이체는 둘 다의 방식으로 작동한다. 변이체는 헬리카제를 코딩하는 폴리뉴클레오티드의 취급을 용이하게 하고/거나 높은 염 농도 및/또는 실온에서의 그의 활성을 용이하게 하는 변형을 포함할 수 있다. 변이체는 전형적으로 상기에 논의된 모티프의 외부 영역에서 야생형 헬리카제와 상이하다. 그러나, 변이체는 이들 모티프(들) 내부의 변형을 포함할 수 있다.

[0231]

서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나, 예컨대 서열 18 또는 61의 아미노산 서열의 전체 길이에 대해, 변이체는 바람직하게

는 아미노산 동일성을 기준으로 하여 상기 서열에 대해 적어도 10% 상동성일 것이다. 보다 바람직하게는, 변이체 폴리펩티드는 전체 서열에 대해 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나, 예컨대 서열 18 또는 61의 아미노산 서열에 대한 아미노산 동일성을 기준으로 하여 적어도 20%, 적어도 25%, 적어도 30%, 적어도 40%, 적어도 45%, 적어도 50%, 적어도 55%, 적어도 60%, 적어도 65%, 적어도 70%, 적어도 75%, 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 보다 바람직하게는 적어도 95%, 97% 또는 99% 상동성일 수 있다. 150개 이상, 예를 들어 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900 또는 1000개 또는 그 초과인 인접 아미노산의 스트레치에 대한 적어도 70%, 예를 들어 적어도 80%, 적어도 85%, 적어도 90%, 또는 적어도 95% 아미노산 동일성이 존재할 수도 있다 ("강한 상동성"). 상동성은 상기 기재된 바와 같이 결정된다. 변이체는 서열 2 및 4에 관하여 상기에 논의된 방식 중 임의의 것으로 야생형 서열과 상이할 수 있다.

[0232] 특히, 변이체는 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168의 단편을 포함할 수 있다. 이러한 단편은 폴리뉴클레오티드 결합 활성을 보유한다. 단편은 적어도 약 200, 적어도 약 300, 적어도 약 400, 적어도 약 500, 적어도 약 600, 적어도 약 650, 적어도 약 700, 적어도 약 800, 적어도 약 900 또는 적어도 약 1000개 아미노산 길이일 수 있다. 단편의 길이는 야생형 서열의 길이에 좌우될 것이다. 하기에서 보다 상세하게 논의되는 바와 같이, 단편은 바람직하게는 관련 야생형 서열의 RecD-유사 모티프 I 및/또는 RecD-유사 모티프 V를 포함한다.

[0233] 상기에 논의된 바와 같이, TraI 헬리카제 및 TraI 하위군 헬리카제는 킬렉사제 도메인을 포함한다. 킬렉사제 도메인은 MobF 모티프 III 또는 MobQ 모티프 III를 포함하고, 전형적으로 TraI 헬리카제 또는 TraI 하위군 헬리카제의 아미노 (N) 말단에서 발견된다. TraI 헬리카제 및 TraI 하위군 헬리카제의 바람직한 단편, 예컨대 서열 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168의 바람직한 단편은 야생형 서열의 N 말단 도메인이 결여된다. N-말단 도메인은 전형적으로 대략 단백질의 N 말단 3/1에 상응한다. 서열 61 (1756개 아미노산 길이인 것)에서, N-말단 도메인은 전형적으로 약 500 내지 약 700개 아미노산 길이, 예컨대 약 550 내지 약 600개 아미노산 길이이다. 서열 65, 69 및 73 (각각 970, 943 및 960개 아미노산 길이인 것)에서, N-말단 도메인은 전형적으로 약 300 내지 약 350개 아미노산 길이, 예컨대 약 320 내지 약 340개 아미노산 길이이다.

[0234] 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168의 아미노산 서열에 대한 아미노산 치환, 예를 들어 1, 2, 3, 4, 5, 10, 20 또는 30개 이하의 치환이 이루어질 수 있다. 치환은 바람직하게는 상기에 논의된 바와 같은 보존적 치환이다. 1개 이상의 치환이 서열 41의 아미노산 위치 K555, R554, T644, R647, P666, M667, H646, N604, N596, Y598, V470, G391, H409, T407, R410 및 Y414에서 이루어질 수 있다. 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168에서, 치환은 서열 41의 아미노산 위치 K555, R554, T644, R647, P666, M667, H646, N604, N596, Y598, V470, G391, H409, T407, R410 및 Y414에 상응하는 하나 이상의 아미노산 위치에서 이루어질 수 있다. 다양한 단백질 서열에서 상응하는 아미노산 위치를 결정하는 것은 간단하다. 예를 들어, 단백질은 그의 상동성을 기준으로 하여 정렬될 수 있다. 상동성은 상기에 논의된 바와 같이 결정할 수 있다.

[0235] 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나의 변이체, 예컨대 단편은 바람직하게는 관련 야생형 서열의 RecD-유사 모티프 I (또는 RecD 모티프 I) 및/또는 RecD-유사 모티프 V (또는 RecD 모티프 V)를 포함한다. 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나의 변이체, 예컨대 단편은 바람직하게는 관련 야생형 서열의 RecD-유사 모티프 I (또는 RecD 모티프 I) 및 RecD-유사 모티프 V (또는 RecD 모티프 V)를 포함한다. 예를 들어, 서열 18의 변이체는 바람직하게는 RecD 모티프 I GPGTGKT (서열 19) 및 RecD 모티프 V WAVTIHKSQG (서열 20)를 포함한다. 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117,

121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 각각의 RecD-유사 모티프 I 및 V (또는 RecD 모티프 I 및 V)를 표 5 및 7에 나타낸다. 그러나, 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나의 변이체는 다양한 야생형 서열로부터의 RecD-유사 모티프 I (또는 RecD 모티프 I) 및/또는 RecD-유사 모티프 V (또는 RecD 모티프 V)를 포함할 수 있다. 예를 들어, 서열 28 또는 서열 35의 변이체는 서열 21의 RecD 모티프 I 및 RecD-유사 모티프 V (각각 GGPGTGKS 및 YALTVHRAQG; 서열 22 및 23)를 포함할 수 있다. 서열 18, 21, 24, 25, 28, 30, 32, 35, 37, 39, 41, 42, 44, 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나의 변이체는 또한 관련 야생형 서열의 RecD-유사 모티프 I 및 V 내부의 변형을 포함할 수 있다. 적합한 변형은 2개의 모티프를 정의할 때의 상기에 논의되어 있다. 상기 단락에서의 논의가 서열 61, 65, 69, 73, 74, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168에서의 MobF 모티프 III 및 서열 78 및 106에서의 MobQ 모티프 III에 대해 동등하게 적용된다. 특히, 서열 61, 65, 69, 73, 74, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나의 변이체, 예컨대 단편은 바람직하게는 관련 야생형 서열의 MobF 모티프 III을 포함한다. 서열 78 또는 106의 변이체, 예컨대 단편은 바람직하게는 관련 야생형 서열의 MobQ 모티프 III을 포함한다. 서열 61, 65, 69, 73, 74, 78, 82, 86, 90, 94, 98, 102, 106, 110, 112, 113, 114, 117, 121, 124, 125, 129, 133, 136, 140, 144, 147, 151, 152, 156, 160, 164 및 168 중 어느 하나의 변이체, 예컨대 단편은 바람직하게는 관련 야생형 서열의 RecD-유사 모티프 I (또는 RecD 모티프 I), RecD-유사 모티프 V (또는 RecD 모티프 V) 및 MobF 또는 MobQ 모티프 III을 포함한다.

[0236] 헬리카제는 기공에 공유적으로 부착될 수 있다. 헬리카제는 바람직하게는 기공에 공유적으로 부착되지 않는다. 기공 및 헬리카제에 대한 전압의 인가는 전형적으로 표적 폴리뉴클레오티드를 서열분석할 수 있는 센서를 형성시킨다. 이것은 하기에서 보다 상세하게 논의한다.

[0237] 본원에 기재된 단백질 중 임의의 것, 즉 막횡단 단백질 기공 또는 RecD 헬리카제는, 예를 들어 히스티딘 잔기 (his 태그), 아스파르트산 잔기 (asp 태그), 스트렙타비딘 태그, 플래그 태그, SUMO 태그, GST 태그 또는 MBP 태그의 부가에 의해, 또는 세포로부터의 그의 분비를 촉진하기 위한 신호 서열의 부가에 의해 (폴리펩티드는 이러한 서열을 자연적으로 함유하지 않음) 변형되어 그의 확인 또는 정제를 보조할 수 있다. 유전적 태그를 도입하는 것에 대한 대안은 태그를 기공 또는 헬리카제 상의 천연 또는 조작된 위치 상에서 화학적으로 반응시키는 것이다. 이의 예는 겔-시프트 시약을 기공의 외부 상에서 조작된 시스테인에 대해 반응시키는 것일 것이다. 이는 용혈소 헤테로-올리고머를 분리하는 방법으로서 입증되어 있다 (문헌 [Chem Biol. 1997 Jul;4(7):497-505]).

[0238] 기공 및/또는 헬리카제는 표식 표지로 표지될 수 있다. 표식 표지는 기공이 검출되게 하는 임의의 적합한 표지일 수 있다. 적합한 표지는 형광 분자, 방사성 동위원소, 예를 들어 ¹²⁵I, ³⁵S, 효소, 항체, 항원, 폴리뉴클레오티드 및 리간드, 예컨대 비오틴을 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다.

[0239] 단백질은 합성에 의해 또는 재조합 수단에 의해 제조될 수 있다. 예를 들어, 기공 및/또는 헬리카제는 시험관 내 번역 및 전사 (IVTT)에 의해 합성될 수 있다. 기공 및/또는 헬리카제의 아미노산 서열은 비-자연 발생 아미노산을 포함하거나 또는 단백질의 안정성을 증가시키도록 변형될 수 있다. 단백질이 합성 수단에 의해 생산되는 경우에, 이러한 아미노산은 생산 동안에 도입될 수 있다. 기공 및/또는 헬리카제는 합성 또는 재조합 생산 후에 변경될 수도 있다.

[0240] 기공 및/또는 헬리카제는 D-아미노산을 사용하여 생산될 수도 있다. 예를 들어, 기공 또는 헬리카제는 L-아미노산 및 D-아미노산의 혼합물을 포함할 수 있다. 이는 이러한 단백질 또는 펩티드를 생산하기 위해 당업계에서 통상적인 것이다.

[0241] 기공 및/또는 헬리카제는 다른 비-특이적 변형이 기공 형성 또는 헬리카제 기능을 방해하지 않는 한, 이를 함유할 수도 있다. 다수의 비-특이적 측쇄 변형이 당업계에 공지되어 있고, 단백질(들)의 측쇄에 대해 이루어질 수 있다. 이러한 변형은, 예를 들어 알데히드와의 반응 후 NaBH₄로의 환원에 의한 아미노산의 환원성 알킬화, 메

틸아세트아미데이트로의 아미딘화 또는 아세트산 무수물로의 아실화를 포함한다.

- [0242] 기공 및 헬리카제는 당업계에 공지된 표준 방법을 사용하여 생산될 수 있다. 기공 또는 헬리카제를 코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열은 당업계에서의 표준 방법을 사용하여 유도 및 복제될 수 있다. 기공 또는 헬리카제를 코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열은 당업계에서의 표준 기술을 사용하여 박테리아 숙주 세포에서 발현될 수 있다. 기공 및/또는 헬리카제는 재조합 발현 벡터로부터의 폴리펩티드의 계내 발현에 의해 세포에서 생산될 수 있다. 발현 벡터는 임의로 유도성 프로모터를 보유하여 폴리펩티드의 발현을 제어한다. 이들 방법은 문헌 [Sambrook, J. and Russell, D. (2001). Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 3rd Edition. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY]에 기재되어 있다.
- [0243] 기공 및/또는 헬리카제는 단백질 생산 유기체로부터의 임의의 단백질 액체 크로마토그래피 시스템에 의한 정제 후에, 또는 재조합 발현 후에 대규모로 생산될 수 있다. 전형적인 단백질 액체 크로마토그래피 시스템은 FPLC, AKTA 시스템, 바이오-캐드(Bio-Cad) 시스템, 바이오-래드 바이오로직(Bio-Rad BioLogic) 시스템 및 길슨(Gilson) HPLC 시스템을 포함한다.
- [0244] 본 발명의 방법은 표적 폴리뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 측정하는 것을 포함한다. 방법은 표적 폴리뉴클레오티드의 2, 3, 4 또는 5개 또는 그 초과 특징을 측정하는 것을 포함할 수 있다. 하나 이상의 특징은 바람직하게는 (i) 표적 폴리뉴클레오티드의 길이, (ii) 표적 폴리뉴클레오티드의 정체, (iii) 표적 폴리뉴클레오티드의 서열, (iv) 표적 폴리뉴클레오티드의 2차 구조, 및 (v) 표적 폴리뉴클레오티드의 변형 여부로부터 선택된다. (i) 내지 (v)의 임의의 조합을 본 발명에 따라 측정할 수 있다.
- [0245] (i)의 경우에, 폴리뉴클레오티드의 길이는 표적 폴리뉴클레오티드와 기공 사이의 상호작용의 개수를 사용하여 측정할 수 있다.
- [0246] (ii)의 경우에, 폴리뉴클레오티드의 정체는 다수의 방식으로 측정할 수 있다. 폴리뉴클레오티드의 정체는 표적 폴리뉴클레오티드의 서열을 측정하면서 또는 표적 폴리뉴클레오티드의 서열을 측정하지 않으면서 측정할 수 있다. 전자는 간단하고; 폴리뉴클레오티드를 서열분석함으로써 확인한다. 후자는 여러 방식으로 수행할 수 있다. 예를 들어, (폴리뉴클레오티드의 나머지 서열을 측정하지 않으면서) 폴리뉴클레오티드 내의 특정한 모티프의 존재를 측정할 수 있다. 대안적으로, 방법에서의 특정한 전기 및/또는 광학 신호의 측정은 표적 폴리뉴클레오티드를 특정한 공급원으로부터 나오는 것으로서 확인할 수 있다.
- [0247] (iii)의 경우에, 폴리뉴클레오티드의 서열은 이전에 기재된 바와 같이 결정될 수 있다. 적합한 서열분석 방법, 특히 전기 측정을 사용하는 것은 문헌 [Stoddart D et al., Proc Natl Acad Sci, 12;106(19):7702-7, Lieberman KR et al., J Am Chem Soc. 2010;132(50):17961-72], 및 국제 출원 WO 2000/28312에 기재되어 있다.
- [0248] (iv)의 경우에, 2차 구조는 다양한 방식으로 측정할 수 있다. 예를 들어, 방법이 전기 측정을 포함하는 경우에, 2차 구조는 체류 시간에서의 변화 또는 기공을 통해 흐르는 전류에서의 변화를 사용하여 측정할 수 있다. 이는 단일-가닥 및 이중-가닥 폴리뉴클레오티드의 영역이 구별되도록 한다.
- [0249] (v)의 경우에, 임의의 변형의 존재 또는 부재를 측정할 수 있다. 방법은 바람직하게는 표적 폴리뉴클레오티드가 메틸화에 의해, 산화에 의해, 손상에 의해, 하나 이상의 단백질로, 또는 하나 이상의 표지, 태그 또는 스펙터로서 변형되었는지의 여부를 결정하는 것을 포함한다. 특정 변형은 기공과의 특정 상호작용을 생성할 것이고, 이는 하기 기재된 방법을 사용하여 측정할 수 있다. 예를 들어, 메틸시토신은 그의 각각의 뉴클레오티드와의 상호작용 동안에 기공을 통해 흐르는 전류에 기반하여 시토신과 구별될 수 있다.
- [0250] 다양한 상이한 유형의 측정이 이루어질 수 있다. 이는 제한 없이 전기 측정 및 광학 측정을 포함한다. 가능한 전기 측정은 전류 측정, 임피던스 측정, 터널링(tunnelling) 측정 (문헌 [Ivanov AP et al., Nano Lett. 2011 Jan 12;11(1):279-85]), 및 FET 측정 (국제 출원 WO 2005/124888)을 포함한다. 광학 측정은 전기 측정과 조합될 수 있다 (문헌 [Soni GV et al., Rev Sci Instrum. 2010 Jan;81(1):014301]). 측정은 막힘단 전류 측정, 예컨대 기공을 통해 흐르는 이온 전류의 측정일 수 있다.
- [0251] 전기 측정은 문헌 [Stoddart D et al., Proc Natl Acad Sci, 12;106(19):7702-7, Lieberman KR et al., J Am Chem Soc. 2010;132(50):17961-72], 및 국제 출원 WO-2000/28312에 기재된 바와 같은 표준 단일 채널 기록 장치를 사용하여 이루어질 수 있다. 대안적으로, 전기 측정은, 예를 들어 국제 출원 WO-2009/077734 및 국제 출원 WO-2011/067559에 기재된 바와 같은 다중-채널 시스템을 사용하여 이루어질 수 있다.
- [0252] 바람직한 실시양태에서, 방법은

- [0253] (a) 표적 폴리뉴클레오티드를 막횡단 기공 및 RecD 헬리카제와 접촉시켜, 표적 폴리뉴클레오티드가 기공을 통해 이동하고 RecD 헬리카제가 기공을 통한 표적 뉴클레오티드의 이동을 제어하도록 하는 단계; 및
- [0254] (b) 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때, 표적 뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 나타내는, 기공을 통과하는 전류를 측정함으로써 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 단계
- [0255] 를 포함한다.
- [0256] 방법은 기공이 막 내로 삽입된 막/기공 시스템을 조사하는데 적합한 임의의 장치를 사용하여 수행할 수 있다. 방법은 막횡단 기공 센싱에 적합한 임의의 장치를 사용하여 수행할 수 있다. 예를 들어, 장치는 수용액을 포함하는 챔버 및 챔버를 2개의 섹션으로 분리하는 장벽을 포함한다. 장벽은 기공을 함유하는 막이 형성된 개구부를 갖는다.
- [0257] 방법은 국제 출원 번호 PCT/GB08/000562 (WO 2008/102120)에 기재된 장치를 사용하여 수행할 수 있다.
- [0258] 방법은 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때 기공을 통과하는 전류를 측정하는 것을 포함할 수 있다. 따라서, 장치는 또한 전위를 인가할 수 있고 막 및 기공을 가로지르는 전기 신호를 측정할 수 있는 전기 회로를 포함할 수 있다. 방법은 패치 클램프 또는 전압 클램프를 사용하여 수행할 수 있다. 방법은 바람직하게는 전압 클램프의 사용을 포함한다.
- [0259] 본 발명의 방법은 폴리뉴클레오티드가 기공에 대해 이동할 때 기공을 통과하는 전류를 측정하는 것을 포함할 수 있다. 막횡단 단백질 기공을 통한 이온 전류를 측정하는데 적합한 조건은 당업계에 공지되어 있고, 실시예에 개시되어 있다. 방법은 전형적으로 막 및 기공을 가로지르는 전압을 인가하면서 수행한다. 사용되는 전압은 전형적으로 +2 V 내지 -2 V, 전형적으로 -400 mV 내지 +400 mV이다. 사용되는 전압은 바람직하게는 -400 mV, -300 mV, -200 mV, -150 mV, -100 mV, -50 mV, -20 mV 및 0 mV로부터 선택되는 하한치 및 +10 mV, +20 mV, +50 mV, +100 mV, +150 mV, +200 mV, +300 mV 및 +400 mV로부터 독립적으로 선택되는 상한치를 갖는 범위이다. 사용되는 전압은 보다 바람직하게는 100 mV 내지 240 mV 범위이고, 가장 바람직하게는 120 mV 내지 220 mV 범위이다. 증가된 인가 전위를 사용함으로써 기공에 의한 상이한 뉴클레오티드 간의 구별을 증가시키는 것이 가능하다.
- [0260] 방법은 전형적으로 임의의 전하 운반체, 예컨대 금속 염, 예를 들어 알칼리 금속 염, 할라이드 염, 예를 들어 클로라이드 염, 예컨대 알칼리 금속 클로라이드 염의 존재 하에 수행한다. 전하 운반체는 이온성 액체 또는 유기 염, 예를 들어 테트라메틸 암모늄 클로라이드, 트리메틸페닐 암모늄 클로라이드, 페닐트리메틸 암모늄 클로라이드, 또는 1-에틸-3-메틸 이미다졸륨 클로라이드를 포함할 수 있다. 상기에 논의된 예시적인 장치에서, 염은 챔버 내 수용액 중에 존재한다. 염화칼륨 (KCl), 염화나트륨 (NaCl) 또는 염화세슘 (CsCl)이 전형적으로 사용된다. KCl이 바람직하다. 염 농도는 포화될 수 있다. 염 농도는 3M 이하일 수 있고, 전형적으로 0.1 내지 2.5 M, 0.3 내지 1.9 M, 0.5 내지 1.8 M, 0.7 내지 1.7 M, 0.9 내지 1.6 M 또는 1 M 내지 1.4 M이다. 염 농도는 바람직하게는 150 mM 내지 1 M이다. 상기에 논의된 바와 같이, RecD 헬리카제는 놀랍게도 높은 염 농도 하에서 작동한다. 방법은 바람직하게는 적어도 0.3 M, 예컨대 적어도 0.4 M, 적어도 0.5 M, 적어도 0.6 M, 적어도 0.8 M, 적어도 1.0 M, 적어도 1.5 M, 적어도 2.0 M, 적어도 2.5 M 또는 적어도 3.0 M의 염 농도를 사용하여 수행한다. 높은 염 농도는 높은 신호 대 노이즈 비를 제공하고, 정상적인 전류 변동의 배경값에 대비하여 뉴클레오티드의 존재를 나타내는 전류가 확인되도록 한다.
- [0261] 방법은 전형적으로 완충제의 존재 하에 수행한다. 상기에 논의된 예시적인 장치에서, 완충제는 챔버 내 수용액 중에 존재한다. 임의의 완충제가 본 발명의 방법에서 사용될 수 있다. 전형적으로, 완충제는 HEPES이다. 또 다른 적합한 완충제는 트리스-HCl 완충제이다. 방법은 전형적으로 pH 4.0 내지 12.0, 4.5 내지 10.0, 5.0 내지 9.0, 5.5 내지 8.8, 6.0 내지 8.7 또는 7.0 내지 8.8 또는 7.5 내지 8.5에서 수행한다. 사용되는 pH는 바람직하게는 약 7.5이다.
- [0262] 방법은 0°C 내지 100°C, 15°C 내지 95°C, 16°C 내지 90°C, 17°C 내지 85°C, 18°C 내지 80°C, 19°C 내지 70°C, 또는 20°C 내지 60°C에서 수행할 수 있다. 방법은 전형적으로는 실온에서 수행한다. 방법은 임의로 효소 기능을 지지하는 온도, 예컨대 약 37°C에서 수행한다.
- [0263] 방법은 전형적으로 헬리카제의 작용을 용이하게 하는 유리 뉴클레오티드 또는 유리 뉴클레오티드 유사체 및 효소 보조인자의 존재 하에 수행한다. 유리 뉴클레오티드는 상기에 논의된 임의의 개별적 뉴클레오티드 중 하나 이상일 수 있다. 유리 뉴클레오티드는 아데노신 모노포스페이트 (AMP), 아데노신 디포스페이트 (ADP), 아데노

신 트리포스페이트 (ATP), 구아노신 모노포스페이트 (GMP), 구아노신 디포스페이트 (GDP), 구아노신 트리포스페이트 (GTP), 티미딘 모노포스페이트 (TMP), 티미딘 디포스페이트 (TDP), 티미딘 트리포스페이트 (TTP), 우리딘 모노포스페이트 (UMP), 우리딘 디포스페이트 (UDP), 우리딘 트리포스페이트 (UTP), 시티딘 모노포스페이트 (CMP), 시티딘 디포스페이트 (CDP), 시티딘 트리포스페이트 (CTP), 시클릭 아데노신 모노포스페이트 (cAMP), 시클릭 구아노신 모노포스페이트 (cGMP), 데옥시아데노신 모노포스페이트 (dAMP), 데옥시아데노신 디포스페이트 (dADP), 데옥시아데노신 트리포스페이트 (dATP), 데옥시구아노신 모노포스페이트 (dGMP), 데옥시구아노신 디포스페이트 (dGDP), 데옥시구아노신 트리포스페이트 (dGTP), 데옥시티미딘 모노포스페이트 (dTMP), 데옥시티미딘 디포스페이트 (dTDP), 데옥시티미딘 트리포스페이트 (dTTP), 데옥시우리딘 모노포스페이트 (dUMP), 데옥시우리딘 디포스페이트 (dUDP), 데옥시우리딘 트리포스페이트 (dUTP), 데옥시시티딘 모노포스페이트 (dCMP), 데옥시시티딘 디포스페이트 (dCDP) 및 데옥시시티딘 트리포스페이트 (dCTP)를 포함하지만, 이에 제한되지는 않는다. 유리 뉴클레오티드는 바람직하게는 AMP, TMP, GMP, CMP, UMP, dAMP, dTMP, dGMP 또는 dCMP로부터 선택된다. 유리 뉴클레오티드는 바람직하게는 아데노신 트리포스페이트 (ATP)이다. 효소 보조인자는 헬리카제가 기능하게 하는 인자이다. 효소 보조인자는 바람직하게는 2가 금속 양이온이다. 2가 금속 양이온은 바람직하게는 Mg^{2+} , Mn^{2+} , Ca^{2+} 또는 Co^{2+} 이다. 효소 보조인자는 가장 바람직하게는 Mg^{2+} 이다.

[0264] 표적 폴리뉴클레오티드는 임의의 순서로 RecD 헬리카제 및 기공과 접촉시킬 수 있다. 표적 폴리뉴클레오티드를 RecD 헬리카제 및 기공과 접촉시킬 때, 표적 폴리뉴클레오티드가 먼저 헬리카제와 복합체를 형성하는 것이 바람직하다. 기공을 가로지르는 전압이 인가되면, 표적 폴리뉴클레오티드/헬리카제 복합체는 기공과 복합체를 형성하고, 기공을 통한 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어한다.

[0265] 상기에 논의된 바와 같이, RecD 헬리카제는 기공에 대해 2가지 방식으로 작동할 수 있다. 첫째로, 바람직하게는 RecD 헬리카제가 표적 서열을 인가된 전압으로부터 생성되는 전계와 함께 기공을 통해 이동시키도록 그것을 사용하여 방법을 수행한다. 상기 방식에서는, DNA의 5' 단부가 먼저 기공에 포획되고, 효소는 DNA를 기공 내로 이동시켜 최종적으로 표적 서열이 이중층의 트랜스 측으로 전위될 때까지 그것을 전계와 함께 기공에 통과시킨다. 대안적으로, 바람직하게는 효소가 표적 서열을 인가된 전압으로부터 생성되는 전계에 대하여 기공을 통해 이동시키도록 방법을 수행한다. 상기 방식에서는, DNA의 3' 단부가 먼저 기공에 포획되고, 효소는 DNA를 기공을 통해 이동시켜 최종적으로 표적 서열이 이중층의 시스 측으로 다시 나올 때까지 그것을 인가된 전계에 대하여 기공 외부로 잡아당긴다.

[0266] 본 발명의 방법은 가장 바람직하게는 MspA로부터 유도된 기공 및 서열 61에 나타난 서열 또는 그의 변이체를 포함하는 헬리카제를 포함한다. MspA 및 서열 61에 관하여 상기에 논의된 실시양태 중 임의의 것을 조합하여 사용할 수 있다.

[0267] 다른 방법

[0268] 본 발명은 또한 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 센서를 형성하는 방법을 제공한다. 방법은 기공과 RecD 헬리카제 사이에 복합체를 형성하는 것을 포함한다. 복합체는 기공과 헬리카제를 표적 폴리뉴클레오티드의 존재 하에 접촉시킨 다음, 기공을 가로지르는 전위를 인가함으로써 형성할 수 있다. 인가된 전위는 상기에 기재된 바와 같은 화학 전위 또는 전압 전위일 수 있다. 대안적으로, 복합체는 기공을 헬리카제에 공유적으로 부착시킴으로써 형성할 수 있다. 공유적으로 부착시키는 방법은 당업계에 공지되어 있고, 예를 들어 국제 출원 번호 PCT/GB09/001679 (WO 2010/004265로서 공개됨) 및 PCT/GB10/000133 (WO 2010/086603으로서 공개됨)에 개시되어 있다. 복합체는 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 센서이다. 방법은 바람직하게는 Msp로부터 유도된 기공과 RecD 헬리카제 사이에 복합체를 형성하는 것을 포함한다. 본 발명의 방법에 관하여 상기에 논의된 실시양태 중 임의의 것이 상기 방법에 대해 동등하게 적용된다.

[0269] 키트

[0270] 본 발명은 또한 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 키트를 제공한다. 키트는 (a) 기공 및 (b) RecD 헬리카제를 포함한다. 본 발명의 방법에 관하여 상기에 논의된 실시양태 중 임의의 것이 키트에 대해 동등하게 적용된다.

[0271] 키트는 친양쪽성 층, 예컨대 지질 이중층을 형성하는데 필요한 막의 성분, 예컨대 인지질을 추가로 포함할 수 있다.

[0272] 본 발명의 키트는 상기에 언급된 실시양태 중 임의의 것을 수행할 수 있게 하는 하나 이상의 다른 시약 또는 기

기를 추가로 포함할 수 있다. 이러한 시약 또는 기기는 하기 중 하나 이상을 포함한다: 적합한 완충제(들) (수용액), 대상체로부터 샘플을 수득하는 수단 (예컨대 바늘을 포함하는 용기 또는 기기), 폴리뉴클레오티드를 증폭 및/또는 발현시키는 수단, 상기에 정의된 바와 같은 막, 또는 전압 또는 패치 클램프 장치. 시약은 키트에 건조 상태로 존재하여, 유체 샘플로 시약을 재현탁시킬 수 있다. 키트는 또한 임의로, 키트를 본 발명의 방법에 사용할 수 있도록 하는 지침서 또는 방법을 사용할 수 있는 환자에 관한 상세사항을 포함할 수 있다. 키트는 임의로 뉴클레오티드를 포함할 수 있다.

[0273] 장치

[0274] 본 발명은 또한 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 장치를 제공한다. 장치는 다수의 기공 및 다수의 RecD 헬리카제를 포함한다. 장치는 바람직하게는 본 발명의 방법을 수행하기 위한 지침서를 추가로 포함한다. 장치는 폴리뉴클레오티드 분석을 위한 임의의 통상적인 장치, 예컨대 어레이 또는 칩일 수 있다. 본 발명의 방법에 관하여 상기에 논의된 실시양태 중 임의의 것이 본 발명의 장치에 대해 동등하게 적용가능하다.

[0275] 장치는 바람직하게는 본 발명의 방법을 수행하도록 설정된다.

[0276] 장치는 바람직하게는

[0277] 막 및 다수의 기공을 지지할 수 있고, 기공 및 헬리카제를 사용한 폴리뉴클레오티드 특성화를 수행하도록 작동할 수 있는 센서 장치;

[0278] 특성화를 수행하기 위한 물질을 보유하기 위한 적어도 하나의 저장소;

[0279] 물질을 적어도 하나의 저장소로부터 센서 장치로 제어가능하게 공급하도록 구성된 유체공학 시스템; 및

[0280] 각각의 샘플을 수용하기 위한 다수의 용기

[0281] 를 포함하며, 유체공학 시스템은 샘플을 선별적으로 용기로부터 센서 장치로 공급하도록 구성된다. 장치는 국제 출원 번호 PCT/GB08/004127 (WO 2009/077734로서 공개됨), PCT/GB10/000789 (WO 2010/122293으로서 공개됨), 국제 출원 번호 PCT/GB10/002206 (아직 공개되지 않음) 또는 국제 출원 번호 PCT/US99/25679 (WO 00/28312로서 공개됨)에 기재된 것 중 임의의 것일 수 있다.

[0282] 기공 없는 특성화

[0283] 일부 실시양태에서, 표적 폴리뉴클레오티드는 RecD 헬리카제를 사용하지만 기공을 사용하지 않고 부분적으로 또는 완전히 서열분석되는 것과 같이 특성화된다. 특히, 본 발명은 또한 표적 폴리뉴클레오티드를 RecD 헬리카제와 접촉시켜, RecD 헬리카제가 표적 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어하도록 하는 것을 포함하는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하는 방법을 제공한다. 상기 방법에서, 표적 폴리뉴클레오티드는 바람직하게는 기공, 예컨대 막형단 기공과 접촉되지 않는다. 방법은 RecD 헬리카제가 폴리뉴클레오티드의 이동을 제어할 때, 하나 이상의 측정을 수행함으로써 표적 뉴클레오티드를 특성화하는 것을 포함한다. 측정은 표적 폴리뉴클레오티드의 하나 이상의 특징을 나타낸다. 임의의 이러한 측정은 본 발명에 따라 수행할 수 있다. 이들은 제한 없이 전기 측정 및 광학 측정을 포함한다. 이들은 상기에 상세하게 논의되어 있다. 본 발명의 기공-기반 방법에 관하여 상기에 논의된 실시양태 중 임의의 것을 기공이 결여된 방법에서 사용할 수 있다. 예를 들어, 상기에 논의된 RecD 헬리카제 중 임의의 것을 사용할 수 있다.

[0284] 본 발명은 또한 RecD 헬리카제를 포함하는 분석 장치를 제공한다. 본 발명은 또한 (a) 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 분석 장치 및 (b) RecD 헬리카제를 포함하는, 표적 폴리뉴클레오티드를 특성화하기 위한 키트를 제공한다. 이들 장치 및 키트는 바람직하게는 기공, 예컨대 막형단 기공을 포함하지 않는다. 적합한 장치는 상기에 논의되어 있다.

[0285] 하기 실시예는 본 발명을 예시한다.

[0286] 실시예 1

[0287] 본 실시예는 나노기공을 통한 무손상 DNA 가닥의 이동을 제어하기 위한 TraI 헬리카제 (TraI Eco; 서열 61)의 용도를 예시한다. 본 실시예 전반에 걸쳐 사용된 일반적 방법 및 기질은 도 1에 나타내고, 도면 설명에 기재되어 있다.

[0288] 물질 및 방법

[0289] PhiX174의 ~400 bp 단편을 증폭시키도록 프라이머를 설계하였다. 이들 프라이머의 각각의 5'-단부는 단독중합

체 스트레치 또는 10개 뉴클레오티드의 단독중합체 섹션의 반복 단위인 50개 뉴클레오티드의 비-상보적 영역을 포함하였다. 이들은 나노기공을 통한 가닥의 제어된 전위에 대한 식별자로서, 뿐만 아니라 전위의 방향성을 결정하는 역할을 한다. 또한, 정방향 프라이머의 5'-단부는 "캡핑"되어 4개의 2'-O-메틸-우라실 (mU) 뉴클레오티드를 포함하였고, 역방향 프라이머의 5'-단부는 화학적으로 인산화되었다. 이어서, 이들 프라이머 변형은 람다 엑소뉴클레아제를 사용하여 안티센스 가닥만 우세하게 제어적으로 소화되게 한다. mU 캡핑은 센스 가닥을 뉴클레아제 소화로부터 보호하는 반면, 안티센스 가닥의 5'에서의 P04는 이를 촉진한다. 따라서, 람다 엑소뉴클레아제와의 인큐베이션 후, 듀플렉스의 센스 가닥만이 이제는 단일 가닥 DNA (ssDNA)로서 무손상으로 유지된다. 이어서, 생성된 ssDNA를 이전에 기재된 바와 같이 PAGE 정제하였다.

[0290] 본원에 기재된 모든 실험에서 사용된 DNA 기질 설계는 도 1b에 나타난다. DNA 기질은 나노기공에 의한 포획을 보조하기 위한 50T 5'-리더를 갖는, PhiX로부터의 ssDNA의 400개 염기 섹션 (서열 172)으로 이루어진다. 3' 콜레스테롤 태그를 함유하는 프라이머 (서열 173)는 50T 리더 바로 뒤에서 상기 가닥에 어닐링되어 이중층의 표면 상에서 DNA를 풍부화시키고, 이에 따라 포획 효율을 개선시킨다. 추가적 프라이머 (서열 174)를 가닥의 3' 단부를 향해 사용하여 3' 단부에 의한 가닥의 포획을 보조한다.

[0291] 완충 용액: 400 mM NaCl, 10 mM Hepes, pH 8.0, 1 mM ATP, 1 mM MgCl₂, 1 mM DTT

[0292] 나노기공: 이.콜라이(*E.coli*) MS(B2)8 MspA ONLP3476 MS-(L88N/D90N/D91N/D93N/D118R/D134R/E139K)8

[0293] 효소: TraI Eco (서열 61; ONLP3572, ~4.3 μ M) 23.3 μ l -> 100 nM 최종.

[0294] 1,2-디피타노일-글리세로-3-포스포콜린 지질 (아반티 폴라 리피즈(Avanti Polar Lipids)) 이중층 내에 삽입된 단일 MspA 나노기공으로부터 전기 측정을 획득하였다. 몬탈-뮐러 기술을 통해 (맞춤 델린(Delrin) 챔버에서) 20 μ m 두께의 PTFE 필름에서 ~100 μ m 직경의 개구부에 걸쳐 이중층을 형성하여, 2개의 1 mL 완충 용액을 분리시켰다. 모든 실험은 언급된 완충 용액 중에서 수행하였다. 1440A 디지털라이저(digitizer)가 장착된 악소패치(Axopatch) 200B 증폭기 (몰레큘라 디바이시스(Molecular Devices)) 상에서 단일-채널 전류를 측정하였다. Ag/AgCl 전극을 완충 용액에 연결하여, 시스 구획 (나노기공 및 효소/DNA 둘 다가 부가된 것)이 악소패치 헤드스테이지의 바닥에 연결되고, 트랜스 구획이 헤드스테이지의 활성 전극에 연결되도록 하였다. 이중층에서 단일 기공을 달성한 후, DNA 폴리뉴클레오티드 및 헬리카제를 50 μ L의 완충제에 첨가하고, 5분 동안 예비-인큐베이션하였다 (DNA = 12.0 nM, 효소 = 2 μ M). 상기 예비-인큐베이션 믹스를 전기생리학 챔버의 시스 구획 내의 950 μ L의 완충제에 첨가하여, MspA 나노기공에서의 헬리카제-DNA 복합체의 포획을 개시하였다 (DNA = 0.6 nM, 효소 = 0.1 μ M의 최종 농도를 제공함). 필요에 따라 2가 금속 (1 mM MgCl₂) 및 NTP (1 mM ATP)를 시스 구획에 첨가함으로써 헬리카제 ATPase 활성을 개시하였다. 실험은 +140 mV의 일정한 전위에서 수행하였다.

[0295] 결과 및 논의

[0296] 도 1에 나타난 바와 같이 헬리카제-DNA 기질을 MspA 나노기공에 부가하는 것은 도 2 및 3에 나타난 바와 같이 특징적인 전류 차단을 생성한다. 헬리카제가 결합되지 않은 DNA는 나노기공과 일시적으로 상호작용하여 전류에서의 단기적인 차단을 생성한다 (< 1초). 헬리카제가 결합되고 활성인 (즉, ATPase 작용 하에 DNA 가닥을 따라 이동하는) DNA는 도 2 및 3에 나타난 바와 같이 전류에서의 단계적 변화와 함께 긴 특징적인 차단 수준을 생성한다. 나노기공 내의 상이한 DNA 모티프는 특유의 전류 차단 수준을 생성한다. 주어진 기질에 대해, 본 발명자들은 DNA 서열을 반영하는 전류 전이의 특징적인 패턴을 관찰하였다 (도 3에서의 예).

[0297] 도 1에 나타난 실험에서, DNA 가닥은 DNA가 가닥에 따른 무작위 위치에서 헬리카제와 함께 포획될 때 무작위 출발점으로부터 서열분석된다.

[0298] 염 내성

[0299] 상기 유형의 나노기공 가닥 서열분석 실험은 일반적으로 이온성 염을 필요로 한다. 이온성 염은 전압 오프셋을 인가하여 DNA를 포획하고 전위시키며 DNA가 나노기공을 통과할 때 생성된 서열 의존성 전류 변화를 측정하기 위한 전도성 용액을 생성시키는데 필요하다. 측정 신호는 이온의 농도에 의존적이므로, 획득되는 신호의 규모를 증가시키기 위해 높은 이온성 염 농도를 사용하는 것이 유리하다. 나노기공 서열분석을 위해, 100 mM KCl을 초과하는 염 농도가 이상적이고, 400 mM KCl 이상의 염 농도가 바람직하다.

[0300] 그러나, 다수의 효소 (일부 헬리카제 및 DNA 모터 단백질 포함)는 높은 염 조건에 내성이 아니다. 높은 염 조건 하에, 효소는 언폴딩되거나 또는 구조적 완전성을 상실하거나, 또는 적절하게 기능하지 못한다. 공지 및 연구되어 있는 헬리카제에 대한 현재의 문헌은 거의 모든 헬리카제가 대략 100 mM KCl/NaCl 초과 염 농도에서

기능하지 못한다는 것을 나타내고, 400 mM KCl 이상의 조건에서 정확한 활성을 나타내는 것으로 보고된 헬리카제는 존재하지 않는다. 내염성 종으로부터의 유사한 효소의 잠재적 호염성 변이체가 존재하지만, 이는 표준 발현 시스템 (예를 들어, 이. 콜라이)에서의 발현 및 정제가 매우 어렵다.

[0301] 본 발명자들은 놀랍게도 본 실시예에서 TraI가 염의 매우 높은 수준까지 염 내성을 나타내는 것을 보여주었다. 본 발명자들은 형광 실험 또는 나노기공 실험에서 효소가 400 mM KCl 내지 1M KCl의 염 농도에서 기능성을 유지한다는 것을 발견하였다.

[0302] 정방향 및 역방향 작동 방식

[0303] 대부분의 헬리카제는 단방향 방식으로 단일-가닥 폴리뉴클레오티드 기질을 따라 이동하여, 턴오버된 각각의 NTPase에 대해 특정 개수의 염기를 이동시킨다. 헬리카제 이동을 다양한 방식으로 이용하여 제어된 방식으로 나노기공을 통해 DNA를 공급할 수 있다. 도 1은 2가지 기본적인 '정방향' 및 '역방향' 작동 방식을 예시한다. 정방향 방식에서, DNA는 DNA가 인가된 전계의 힘 하에 이동할 때와 동일한 방향으로 헬리카제에 의해 기공 내로 공급된다. 상기 방향은 트랜스 화살표에 의해 나타낸다. 5'-3' 헬리카제인 TraI에 대해, 이것은 헬리카제가 나노기공의 상부와 접촉할 때까지 나노기공에서 DNA의 5' 단부를 포획하는 것을 필요로 하고, 이어서 DNA를 헬리카제의 제어 하에 인가된 전위로부터의 전계와 함께, 즉 시스로부터 트랜스로 이동시키면서 나노기공 내로 공급한다. 역방향 방식은 DNA의 3' 단부를 포획하는 것을 필요로 하고, 이후 헬리카제는 꿰어진 DNA를 인가된 전위로부터의 전계에 대항하여, 즉 트랜스로부터 시스로 이동시키면서 나노기공 외부로 다시 잡아당기는 것을 진행한다. 도 1은 TraI Eco를 사용한 이들 2가지 작동 방식을 나타낸다.

[0304] 실시예 2

[0305] 본 실시예는 효소 활성을 시험하기 위한 형광 검정을 사용하여 RecD 헬리카제의 염 내성을 예시한다.

[0306] 맞춤형 형광 기질을 사용하여, 혼성화된 dsDNA를 전치시키는 헬리카제의 능력을 검정하였다 (도 4a). 도 4a의 1)에 나타난 바와 같이, 형광 기질 가닥 (50 nM 최종)은 5' ssDNA 오버행, 및 혼성화된 dsDNA의 40개 염기 섹션을 갖는다. 상부의 주 가닥은 3' 단부에 카르복시플루오레세인 염기를 갖고, 혼성화된 상보체는 5' 단부에 블랙홀 켄처 (BHQ-1) 염기를 갖는다. 혼성화되었을 때, 플루오레세인으로부터의 형광은 국부 BHQ-1에 의해 켄칭되고, 기질은 본질적으로 비-형광성이 된다. 형광 기질의 더 짧은 가닥에 상보적인 1 μ M의 포획 가닥이 검정에 포함된다. 2)에 나타난 바와 같이, ATP (1 mM) 및 $MgCl_2$ (10 mM)의 존재 하에, 기질에 부가된 헬리카제 (100 nM)는 형광 기질의 5' 꼬리에 결합하고, 주 가닥을 따라 이동하고, 나타난 바와 같이 상보적 가닥을 전치시킨다. 3)에 나타난 바와 같이, BHQ-1을 갖는 상보적 가닥이 완전히 전치되면, 주 가닥 상의 플루오레세인이 형광을 발한다. 4)에 나타난 바와 같이, 과량의 포획 가닥은 상보적 DNA에 우선적으로 어닐링되어, 초기 기질의 재-어닐링 및 형광 상실을 방지한다.

[0307] 기질 DNA: 3' 단부 근처에 카르복시플루오레세인을 갖는 서열 175 및 5' 단부에 블랙-홀 켄처-1을 갖는 서열 176

[0308] 포획 DNA: 서열 177

[0309] 도 4b의 그래프는 100 mM 내지 1 M의 다양한 농도의 KCl을 함유하는 완충 용액 (100 mM Hepes pH 8.0, 1 mM ATP, 10 mM $MgCl_2$, 50 nM 형광 기질 DNA, 1 μ M 포획 DNA)에서의 2개의 RecD 헬리카제 (RecD Nth 및 Dth, 서열 28 및 35) 활성의 초기 비율을 나타낸다. 헬리카제는 1 M에서 작동한다.

[0310] 실시예 3

[0311] 본 실시예에서는, 상이한 TraI 헬리카제, 즉 TrwC Cba (서열 65)를 사용하였다. 모든 실험은 동일한 실험 조건 (기공 = MspA B2, DNA = 400량체 서열 172, 173 및 174, 완충제 = 400mM KCl, 10mM Hepes pH 8.0, 1mM DTT, 1mM ATP, 1mM MgCl₂) 하에 이전에 실시예 1에 기재된 바와 같이 수행하였다. 도 5는 상기 효소를 사용한 헬리카제 제어된 DNA 사건의 2가지 전형적인 예를 나타낸다.

[0312] 실시예 4

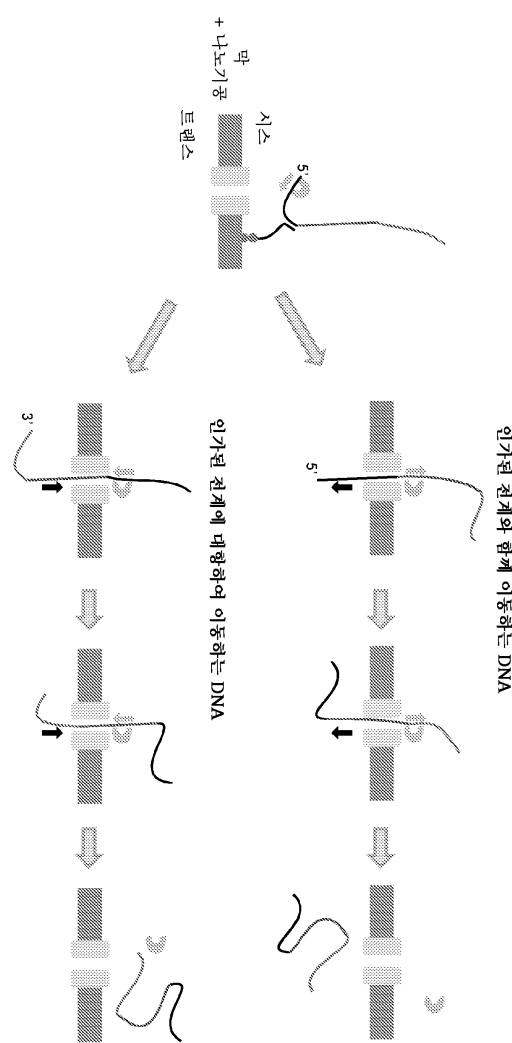
[0313] 본 실시예에서는, 다수의 상이한 TrwC 헬리카제 (TrwC (Atr) (서열 144), TrwC (Sal) (서열 140), TrwC (Ccr) (서열 136) 및 TrwC (Eco) (서열 74))를 MspA 나노기공 (MS-G75S/G77S/L88N/D90N/D91N/D93N/D118R/Q126R/D134R/E139K)8, 즉 G75S/G77S/L88N/Q126R을 갖는 8 x 서열 2를 통한 DNA (서열 178, 179 (3' 단부에 /iSp18//iSp18//iSp18//iSp18//iSp18//iSp18/TT/3CholTEG/를 가짐) 및

180)의 이동을 제어하는 그의 능력에 대해 조사하였다.

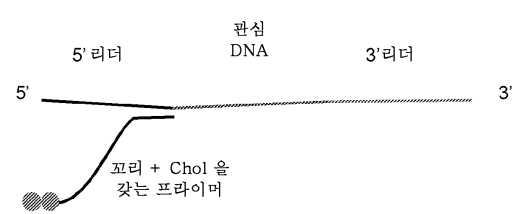
- [0314] 물질 및 방법
- [0315] 완충 용액: TrwC (Atr), TrwC (Eco) 및 TrwC (Ccr)에 대해 pH 8.0의, TrwC (Sal)에 대해 pH 9.0의 625mM KCl, 75mM K 페로시아나이드, 25mM K 페리시아나이드, 100mM Hepes.
- [0316] 효소: 모두 최종 농도 100 nM인 TrwC (Atr) (100 nM) 또는 TrwC (Sal) (100 nM) 또는 TrwC (Ccr) (100 nM) 또는 TrwC (Eco) (100 nM)
- [0317] 백금 전극을 Ag/AgCl 대신에 사용한 것을 제외하고, 실시예 1에 기재된 바와 같이 1,2-디피타노일-글리세로-3-포스포콜린 지질 (아반티 폴라 리피즈) 이중층 내에 삽입된 단일 MspA 나노기공으로부터 전기 측정을 획득하였다. 이중층에서 단일 기공을 달성한 후, MgCl₂ (10 mM) 및 dTTP (TrwC (Atr), TrwC (Ccr) 및 TrwC (Eco)에 대해 5 mM) 또는 ATP (TrwC (Sal)에 대해 1 mM)를 시스 챔버에 첨가하고, 대조 실험을 +120 mV의 인가된 전위에서 5분 동안 실행하였다. DNA 폴리뉴클레오티드 (서열 179 및 180에 혼성화된 서열 178, 0.1 nM)를 시스 챔버에 첨가하고, 또 다른 대조 실험을 +120 mV의 인가된 전위에서 5분 동안 실행하였다. 최종적으로, 적절한 헬리카제 (모두 최종 농도 100 nM로 첨가되는 TrwC (Atr), TrwC (Sal), TrwC (Ccr) 또는 TrwC (Eco))를 전기생리학 챔버의 시스 구획에 첨가하여, MspA 나노기공에서의 헬리카제-DNA 복합체의 포획을 개시하였다. 실험은 +120 mV의 일정한 전위에서 수행하였다.
- [0318] 결과 및 논의
- [0319] 조사한 각각의 헬리카제에 대해 헬리카제 제어된 DNA 이동이 관찰되었다. 트레이스의 예는 각각 도 6-9에 나타낸다.
- [0320] 실시예 5
- [0321] 본 실시예에서는, 다수의 상이한 TrwC 헬리카제 (TrwC (Oma) (서열 106), TrwC (Afe) (서열 86), 및 TrwC (Mph) (서열 94))를 MspA 나노기공 (MS-(G75S/G77S/L88N/D90N/D91N/D93N/D118R/Q126R/D134R/E139K)8, 즉 G75S/G77S/L88N/Q126R을 갖는 8 x 서열 2를 통한 DNA (TrwC (Oma)에 대해 서열 172 내지 174, 및 TrwC (Afe) 및 TrwC (Mph)에 대해 서열 182 (3' 단부에 콜레스테롤 태그를 가짐)에 혼성화된 서열 181)의 이동을 제어하는 그의 능력에 대해 조사하였다.
- [0322] 완충 용액: 625mM KCl, 75mM K 페로시아나이드, 25mM K 페리시아나이드, 100mM Hepes, pH8.0
- [0323] 효소: 모두 최종 농도 100 nM인 TrwC (Oma), TrwC (Afe), 및 TrwC (Mph)
- [0324] 백금 전극을 Ag/AgCl 대신에 사용한 것을 제외하고, 실시예 1에 기재된 바와 같이 1,2-디피타노일-글리세로-3-포스포콜린 지질 (아반티 폴라 리피즈) 이중층 내에 삽입된 단일 MspA 나노기공으로부터 전기 측정을 획득하였다. 이중층에서 단일 기공을 달성한 후, MgCl₂ (10 mM)를 시스 챔버에 첨가하고, 대조 실험을 120 mV의 인가된 전위에서 5분 동안 실행하였다. 최종 0.15 nM의 DNA 폴리뉴클레오티드 (TrwC (Oma)에 대해 서열 172 내지 174 (실시예 1에서와 같음), 또는 TrwC (Afe) 및 TrwC (Mph)에 대해 서열 182에 혼성화된 서열 181) 및 최종 100 nM의 적절한 헬리카제 (TrwC (Oma), TrwC (Afe), 및 TrwC (Mph))를 시스 챔버에 첨가하고, 또 다른 대조 실험을 +120 mV의 인가된 전위에서 10분 동안 실행하였다. 최종적으로, ATP (1 mM)를 전기생리학 챔버의 시스 구획에 첨가함으로써 헬리카제 ATPase 활성을 개시하였다. 실험은 +120 mV의 일정한 전위에서 실행했다.
- [0325] 결과 및 논의
- [0326] 조사한 각각의 헬리카제에 대해 헬리카제 제어된 DNA 이동이 관찰되었다. 트레이스의 예는 각각 도 10-12에 나타낸다.

도면

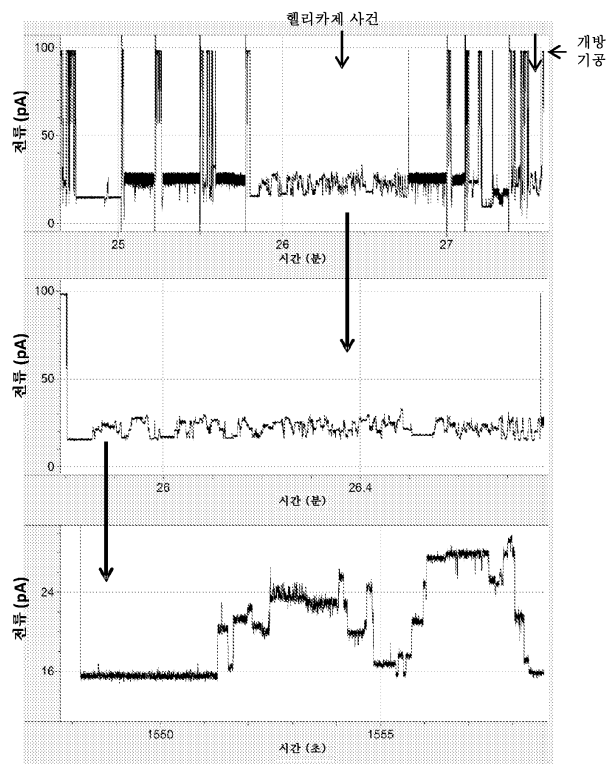
도면1a



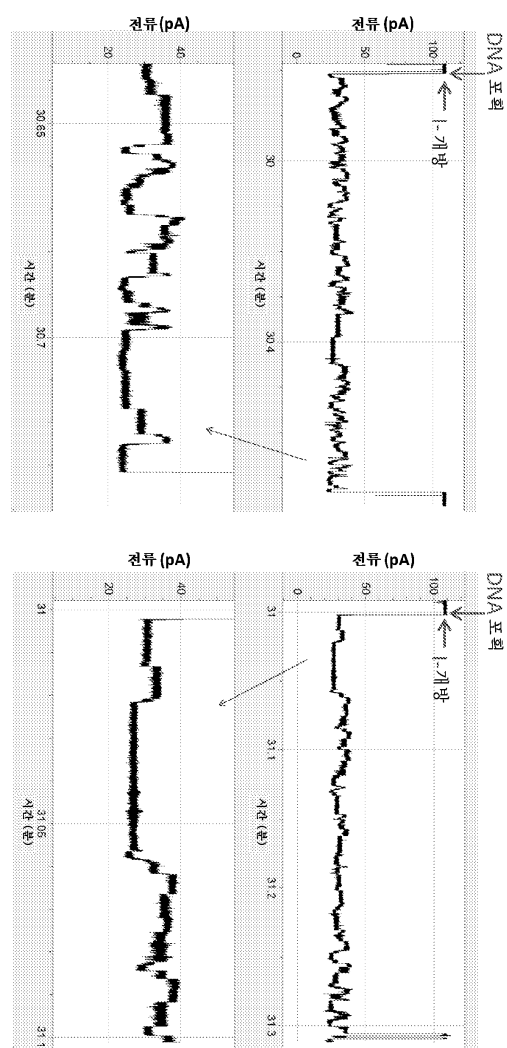
도면1b



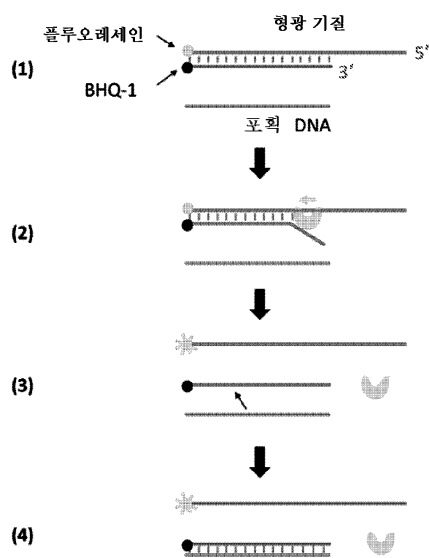
도면2



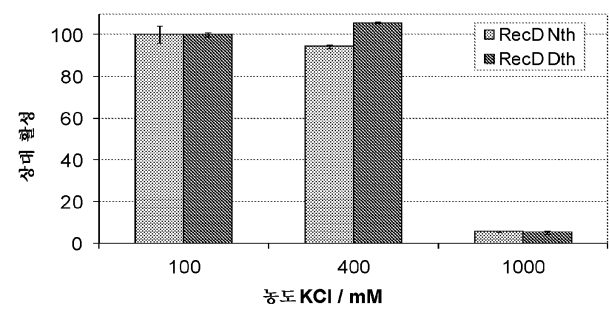
도면3



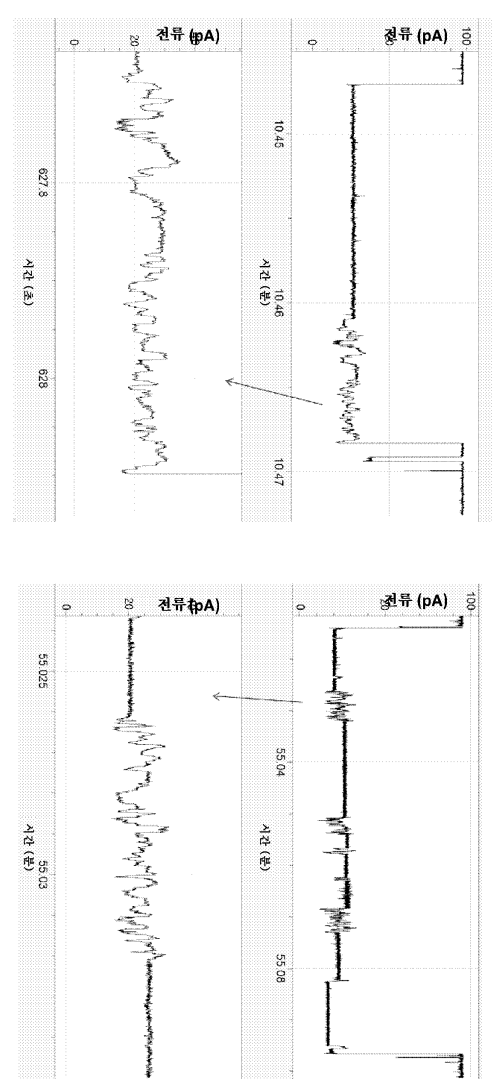
도면4a



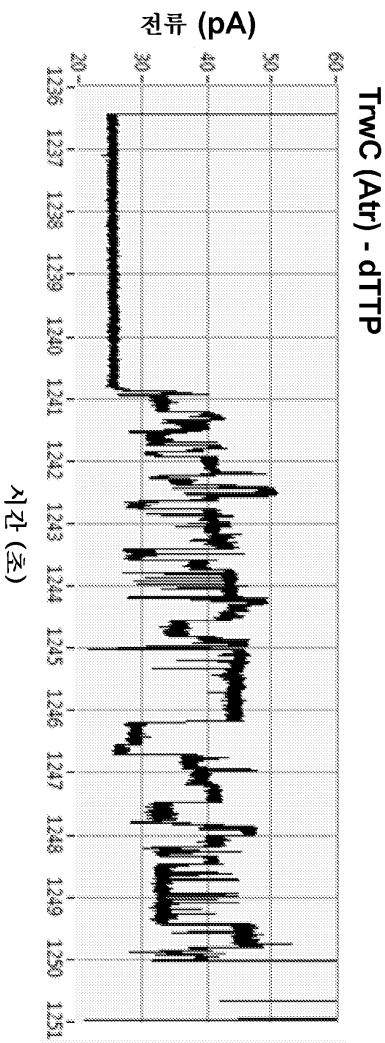
도면4b



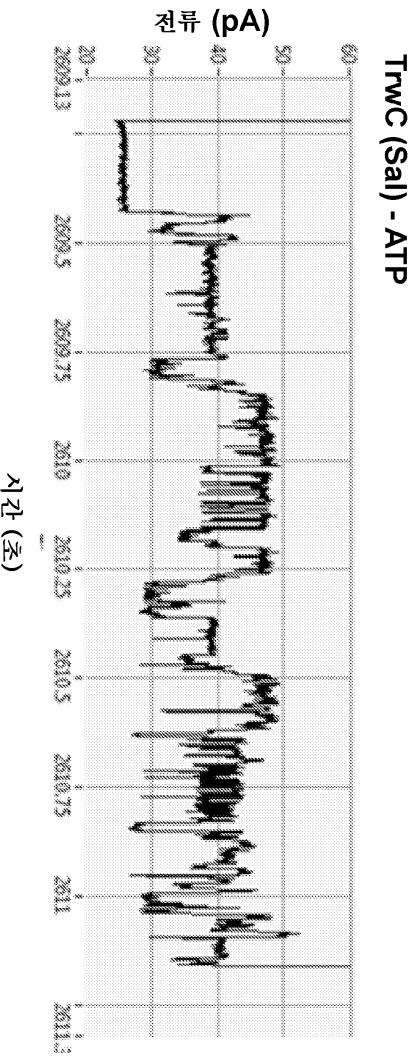
도면5



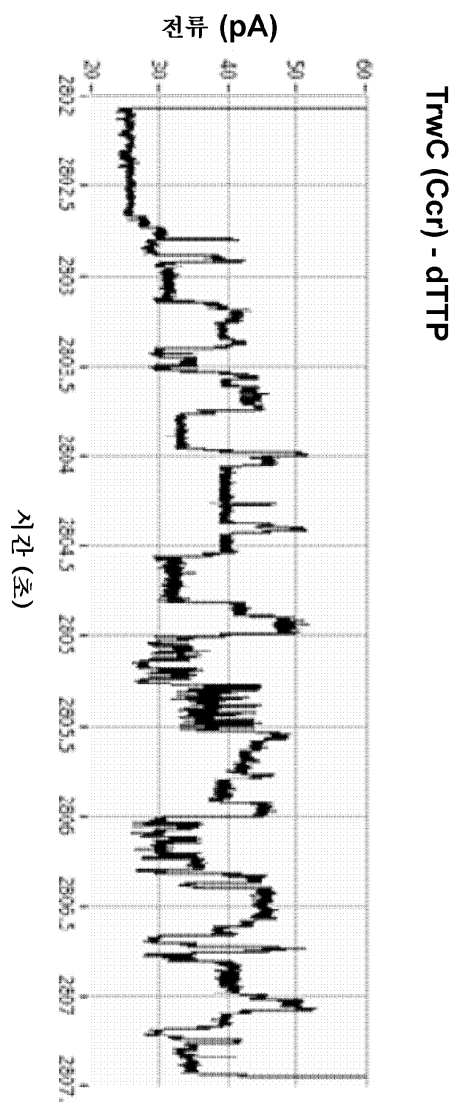
도면6



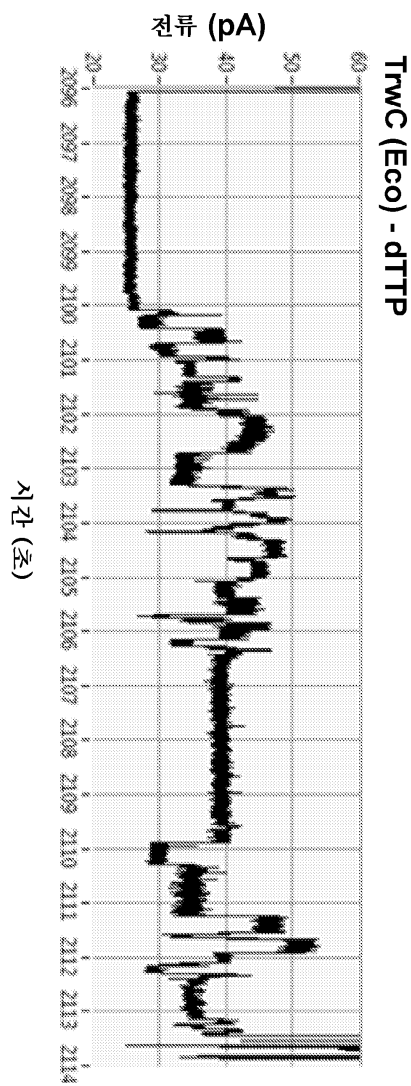
도면7



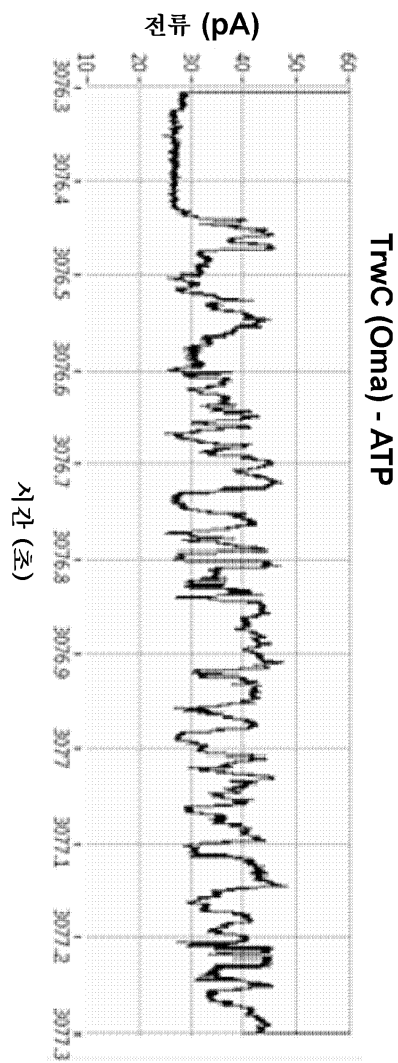
도면8



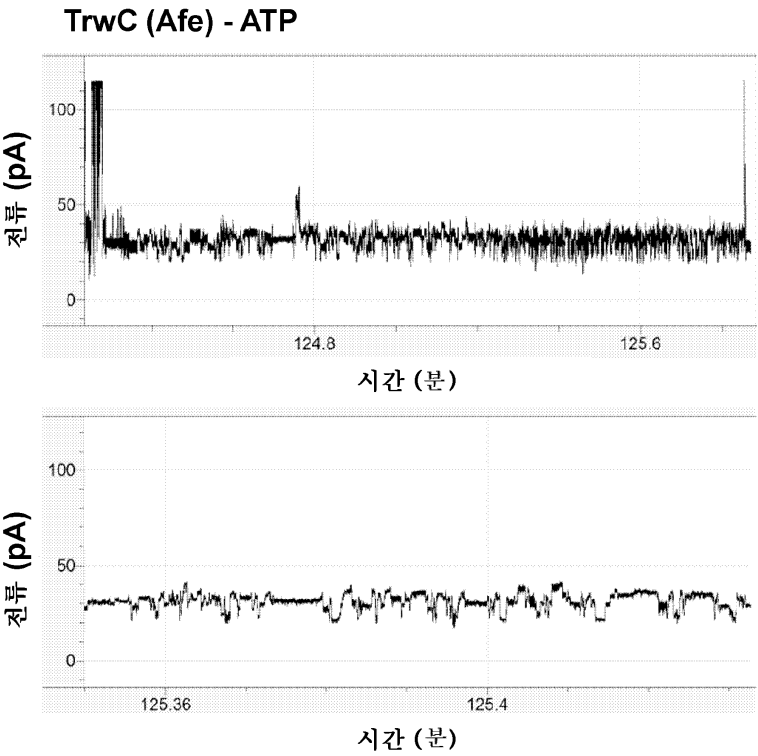
도면9



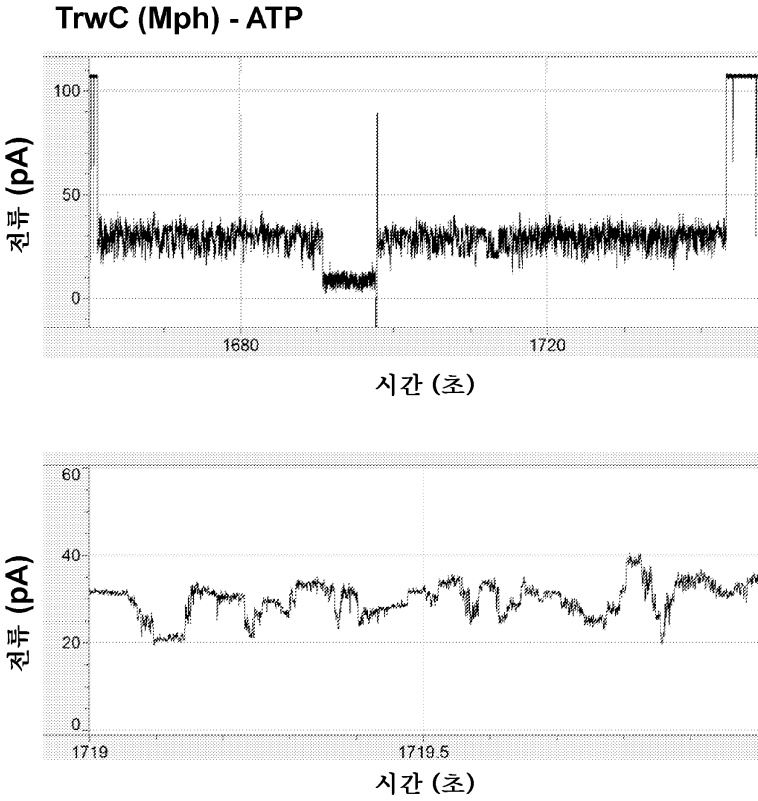
도면10



도면11



도면12



서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> OXFORD NANOPORE TECHNOLOGIES LIMITED

<120> ENZYME METHOD

<130> N115505A

<150> US 61/581,332

<151> 2011-12-29

<160> 182

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 558

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> MspA (D90N, D91N, D93N, D118R, D134R and E139K)

<400> 1

atgggtctgg ataatgaact gagcctgggtg gacggtcaag atcgtaacct gacggtgcaa 60
caatgggata cctttctgaa tggcggtttt ccgctggatc gtaatcgct gaccctgaa 120

tggtttcatt ccggtcgcgc aaaatataac gtcgcaggcc cgggtgctga cgaattcgaa 180
ggcacgctgg aactgggtta tcagattggc tttccgtggt cactgggcgt tggatcaac 240
ttctctgata ccacgccgaa tattctgac aacaatggta acattaccgc accgccgttt 300
ggcctgaaca gcgtgattac gccgaacctg tttccgggtg ttagcatctc tgcccgtctg 360
ggcaatggtc cgggcattca agaagtggca acctttagtg tgcgcgtttc cggcgctaaa 420
ggcgggtgtc cgggtgtctaa cgcccacggt accgttacgg gcgcggccgg cgggtgtcctg 480
ctgcgtccgt tcgcgcgct gattgcctct accggcgaca gcgttacgac ctatggcgaa 540

ccgtggaata tgaactaa 558

<210> 2

<211> 184

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MspA (D90N, D91N, D93N, D118R, D134R and E139K)

<400> 2

Gly Leu Asp Asn Glu Leu Ser Leu Val Asp Gly Gln Asp Arg Thr Leu

1 5 10 15

Thr Val Gln Gln Trp Asp Thr Phe Leu Asn Gly Val Phe Pro Leu Asp

20	25	30	
Arg Asn Arg Leu Thr Arg Glu Trp Phe His Ser Gly Arg Ala Lys Tyr			
35	40	45	
Ile Val Ala Gly Pro Gly Ala Asp Glu Phe Glu Gly Thr Leu Glu Leu			
50	55	60	
Gly Tyr Gln Ile Gly Phe Pro Trp Ser Leu Gly Val Gly Ile Asn Phe			
65	70	75	80
Ser Tyr Thr Thr Pro Asn Ile Leu Ile Asn Asn Gly Asn Ile Thr Ala			
85	90	95	
Pro Pro Phe Gly Leu Asn Ser Val Ile Thr Pro Asn Leu Phe Pro Gly			
100	105	110	
Val Ser Ile Ser Ala Arg Leu Gly Asn Gly Pro Gly Ile Gln Glu Val			
115	120	125	
Ala Thr Phe Ser Val Arg Val Ser Gly Ala Lys Gly Gly Val Ala Val			
130	135	140	
Ser Asn Ala His Gly Thr Val Thr Gly Ala Ala Gly Gly Val Leu Leu			
145	150	155	160
Arg Pro Phe Ala Arg Leu Ile Ala Ser Thr Gly Asp Ser Val Thr Thr			
165	170	175	
Tyr Gly Glu Pro Trp Asn Met Asn			
180			
<210> 3			
<211> 885			
<212> DNA			
<213> Artificial sequence			
<220><223> a-hemolysin-E111N/K147N			
<400> 3			
atggcagatt ctgatattaa tattaacc ggtactacag atattggaag caatactaca	60		
gtaaaaacag gtgatttagt cacttatgat aaagaaatg gcatgcacaa aaaagtattt	120		
tatagtttta tcgatgataa aaatcacaaat aaaaaactgc tagttattag aacaaaaggt	180		
accattgctg gtcaatatag agtttatagc gaagaagggtg ctaacaaaag tggtttagcc	240		

tggccttcag cctttaaggt acagttgcaa ctacctgata atgaagtagc tcaaatatct 300
gattactatc caagaaattc gattgataca aaaactata tgaagtacttt aacttatgga 360
ttcaacggta atgttactgg tgatgataca ggaaaaattg gcggccttat tggtgcaaat 420
gtttcgattg gtcatacact gaactatggt caacctgatt tcaaaacaat tttagagagc 480
ccaactgata aaaaagtagg ctggaaagtg atatttaaca atatggtgaa tcaaaattgg 540
ggaccatacg atcgagattc ttggaacccg gtatatggca atcaactttt catgaaaact 600
agaaatgggt ctatgaaagc agcagataac ttccttgatc ctaacaaagc aagtttctta 660

ttatcttcag ggttttcacc agacttcgct acagttatta ctatggatag aaaagcatcc 720
aaacaacaaa caaatataga tgtaatatc gaacgagttc gtgatgatta ccaattgcat 780
tggacttcaa caaattggaa aggtaccaat actaaagata aatggacaga tcgttcttca 840
gaaagatata aaatcgattg ggaaaaagaa gaaatgacaa attaa 885

<210> 4

<211> 293

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> a-hemolysin-E111N/K147N

<400> 4

Ala Asp Ser Asp Ile Asn Ile Lys Thr Gly Thr Thr Asp Ile Gly Ser

1 5 10 15

Asn Thr Thr Val Lys Thr Gly Asp Leu Val Thr Tyr Asp Lys Glu Asn

20 25 30

Gly Met His Lys Lys Val Phe Tyr Ser Phe Ile Asp Asp Lys Asn His

35 40 45

Asn Lys Lys Leu Leu Val Ile Arg Thr Lys Gly Thr Ile Ala Gly Gln

50 55 60

Tyr Arg Val Tyr Ser Glu Glu Gly Ala Asn Lys Ser Gly Leu Ala Trp

65 70 75 80

Pro Ser Ala Phe Lys Val Gln Leu Gln Leu Pro Asp Asn Glu Val Ala

85 90 95

Gln Ile Ser Asp Tyr Tyr Pro Arg Asn Ser Ile Asp Thr Lys Asn Tyr

100 105 110

Met Ser Thr Leu Thr Tyr Gly Phe Asn Gly Asn Val Thr Gly Asp Asp

115 120 125
 Thr Gly Lys Ile Gly Gly Leu Ile Gly Ala Asn Val Ser Ile Gly His
 130 135 140

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

Thr Asp Lys Lys Val Gly Trp Lys Val Ile Phe Asn Asn Met Val Asn
 165 170 175

Gln Asn Trp Gly Pro Tyr Asp Arg Asp Ser Trp Asn Pro Val Tyr Gly
 180 185 190

Asn Gln Leu Phe Met Lys Thr Arg Asn Gly Ser Met Lys Ala Ala Asp
 195 200 205

Asn Phe Leu Asp Pro Asn Lys Ala Ser Ser Leu Leu Ser Ser Gly Phe
 210 215 220

Ser Pro Asp Phe Ala Thr Val Ile Thr Met Asp Arg Lys Ala Ser Lys
 225 230 235 240

Gln Gln Thr Asn Ile Asp Val Ile Tyr Glu Arg Val Arg Asp Asp Tyr
 245 250 255

Gln Leu His Trp Thr Ser Thr Asn Trp Lys Gly Thr Asn Thr Lys Asp
 260 265 270

Lys Trp Thr Asp Arg Ser Ser Glu Arg Tyr Lys Ile Asp Trp Glu Lys
 275 280 285

Glu Glu Met Thr Asn
 290

<210> 5

<211> 184

<212> PRT

<213> Mycobacterium smegmatis

<400> 5

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

Thr Val Gln Gln Trp Asp Thr Phe Leu Asn Gly Val Phe Pro Leu Asp

20 25 30

Arg Asn Arg Leu Thr Arg Glu Trp Phe His Ser Gly Arg Ala Lys Tyr

35 40 45

Ile Val Ala Gly Pro Gly Ala Asp Glu Phe Glu Gly Thr Leu Glu Leu

50 55 60

Gly Tyr Gln Ile Gly Phe Pro Trp Ser Leu Gly Val Gly Ile Asn Phe

65 70 75 80

Ser Tyr Thr Thr Pro Asn Ile Leu Ile Asp Asp Gly Asp Ile Thr Ala

85 90 95

Pro Pro Phe Gly Leu Asn Ser Val Ile Thr Pro Asn Leu Phe Pro Gly

100 105 110

Val Ser Ile Ser Ala Asp Leu Gly Asn Gly Pro Gly Ile Gln Glu Val

115 120 125

Ala Thr Phe Ser Val Asp Val Ser Gly Pro Ala Gly Gly Val Ala Val

130 135 140

Ser Asn Ala His Gly Thr Val Thr Gly Ala Ala Gly Gly Val Leu Leu

145 150 155 160

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

165 170 175

Tyr Gly Glu Pro Trp Asn Met Asn

180

<210> 6

<211> 184

<212> PRT

<213> Mycobacterium smegmatis

<400> 6

Gly Leu Asp Asn Glu Leu Ser Leu Val Asp Gly Gln Asp Arg Thr Leu

1 5 10 15

Thr Val Gln Gln Trp Asp Thr Phe Leu Asn Gly Val Phe Pro Leu Asp

20 25 30

Arg Asn Arg Leu Thr Arg Glu Trp Phe His Ser Gly Arg Ala Lys Tyr

35 40 45
 Ile Val Ala Gly Pro Gly Ala Asp Glu Phe Glu Gly Thr Leu Glu Leu
 50 55 60
 Gly Tyr Gln Ile Gly Phe Pro Trp Ser Leu Gly Val Gly Ile Asn Phe
 65 70 75 80
 Ser Tyr Thr Thr Pro Asn Ile Leu Ile Asp Asp Gly Asp Ile Thr Gly
 85 90 95

 Pro Pro Phe Gly Leu Glu Ser Val Ile Thr Pro Asn Leu Phe Pro Gly
 100 105 110
 Val Ser Ile Ser Ala Asp Leu Gly Asn Gly Pro Gly Ile Gln Glu Val
 115 120 125
 Ala Thr Phe Ser Val Asp Val Ser Gly Pro Ala Gly Gly Val Ala Val
 130 135 140
 Ser Asn Ala His Gly Thr Val Thr Gly Ala Ala Gly Gly Val Leu Leu
 145 150 155 160

Arg Pro Phe Ala Arg Leu Ile Ala Ser Thr Gly Asp Ser Val Thr Thr
 165 170 175
 Tyr Gly Glu Pro Trp Asn Met Asn
 180

<210> 7

<211> 183

<212> PRT

<213> Mycobacterium smegmatis

<400> 7

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

Asn Arg Leu Thr Arg Glu Trp Phe His Ser Gly Arg Ala Thr Tyr His
 35 40 45
 Val Ala Gly Pro Gly Ala Asp Glu Phe Glu Gly Thr Leu Glu Leu Gly
 50 55 60

Tyr Gln Val Gly Phe Pro Trp Ser Leu Gly Val Gly Ile Asn Phe Ser
65 70 75 80
Tyr Thr Thr Pro Asn Ile Leu Ile Asp Gly Gly Asp Ile Thr Gln Pro
85 90 95

Pro	Phe	Gly	Leu	Asp	Thr	Ile	Ile	Thr	Pro	Asn	Leu	Phe	Pro	Gly	Val	
			100						105						110	
Ser	Ile	Ser	Ala	Asp	Leu	Gly	Asn	Gly	Pro	Gly	Ile	Gln	Glu	Val	Ala	
			115						120						125	
Thr	Phe	Ser	Val	Asp	Val	Lys	Gly	Ala	Lys	Gly	Ala	Val	Ala	Val	Ser	
			130						135						140	
Asn	Ala	His	Gly	Thr	Val	Thr	Gly	Ala	Ala	Gly	Gly	Val	Leu	Leu	Arg	
			145						150						155	
															160	

Pro Phe Ala Arg Leu Ile Ala Ser Thr Gly Asp Ser Val Thr Thr Tyr
165 170 175
Gly Glu Pro Trp Asn Met Asn
180

<210> 8

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I

<220><221> MISC_FEATURE

$$\langle 222 \rangle \quad (1) \dots (1)$$

<223> Xaa = G, S or A

<220><221> MISC_FEATURE

$$\langle 222 \rangle \quad (2) \dots (2)$$

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

 $\langle 222 \rangle \quad (3) \dots (3)$

<223> Xaa = P, A, S or G

 $\langle 220 \rangle$

<221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = T, A, V, S or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(6)

<223> Xaa = G or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (7)..(7)

<223> Xaa = K or R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (8)..(8)

<223> Xaa = T or S

<400> 8

Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 9

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> Extended RecD-like motif I

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(17)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (18)..(18)

<223> Xaa = G, S or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (19)..(19)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (20)..(20)

<223> Xaa = P, A, S or G

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (22)..(22)

<223> Xaa = T, A, V, S or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (23)..(23)
 <223> Xaa = G or A
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (24)..(24)
 <223> Xaa = K or R
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (25)..(25)
 <223> Xaa = T or S
 <400
 > 9
 Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15
 Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa
 20 25
 <210> 10
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> Extended RecD-like motif I
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(18)
 <223> Xaa = any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (19)..(19)
 <223> Xaa = G, S or A
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (20)..(20)
 <223> Xaa = any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (21)..(21)
 <223> Xaa = P, A, S or G
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (23)..(23)
 <223> Xaa = T, A, V, S or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (24)..(24)

<223> Xaa = G or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (25)..(25)

<223> Xaa = K or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (26)..(26)

<223> Xaa = T or S

<400> 10

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa

20 25

<210> 11

<211> 27

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> Extended RecD-like motif I

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(19)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (20)..(20)

<223> Xaa = G, S or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (21)..(21)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (22)..(22)

<223> Xaa = P, A, S or G

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (24)..(24)

<223> Xaa = T, A, V, S or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (25)..(25)

<223> Xaa = G or A

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (26)..(26)

<223> Xaa = K or R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (27)..(27)

<223> Xaa = T or S

<400> 11

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa

20 25

<210> 12

<211>

8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD motif I

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = T, V or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (8)..(8)

<223> Xaa = T or S

<400> 12

Gly Gly Pro Gly Xaa Gly Lys Xaa

1 5

<210> 13

<211> 25

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> Extended RecD motif I

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(17)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (22)..(22)

<223> Xaa = T, V or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (25)..(25)

<223> Xaa = T or S

<400> 13

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Gly Gly Pro Gly Xaa Gly Lys Xaa

20 25

<210> 14

<211> 26

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> Extended RecD motif I

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(18)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (23)..(23)

<223> Xaa = T, V or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (26)..(26)

<223> Xaa = T or S

<400> 14

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Gly Gly Pro Gly Xaa Gly Lys Xaa

20 25

<210> 15

<211> 27

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> Extended RecD motif I

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(19)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (24)..(24)

<223> Xaa = T, V or C

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (27)..(27)

<223> Xaa = T or S

<400> 15

Gln Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Gly Gly Pro Gly Xaa Gly Lys Xaa

20 25

<210> 16

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(1)

<223> Xaa = Y, W or F

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(2)

<223> Xaa = A, T, S, M, C or V

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (3)..(3)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = T, N or S
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)
 <223> Xaa = A, T, G, S, V or I
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(8)
 <223> Xaa = any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (10)..(10)
 <223> Xaa = G or S
 <400> 16
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gln Xaa

1 5 10
 <210> 17
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> RecD motif V
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(1)
 <223> Xaa = Y, W or F
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(2)
 <223> Xaa = A, M, C or V
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (3)..(3)
 <223> Xaa = I, M or L
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = T or S
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (5)..(5)

<223> Xaa = V or I

<400> 17

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 18

<211> 753

<212> PRT

<213> *Acaryochloris marina*

<400> 18

Met Pro Ser Ser Ser Ala His Pro Gly Ser Pro Pro Ile Glu Gln Leu

1 5 10 15

Gln Gly Val Val Glu Arg Leu Thr Phe His Ser Asp Glu Ser Gly Tyr

20 25 30

Thr Val Ala Arg Leu Lys Ala Pro Arg Thr Arg Glu Leu Ile Thr Ile

35 40 45

Val Gly Ser Phe Ala Asn Ile Gln Ala Gly Gln Thr Leu Gln Leu Gln

50 55 60

Gly Ile Trp Arg Asp His Pro Lys Tyr Gly Pro Gln Phe Gln Val Lys

65 70 75 80

Gln Tyr Lys Glu Thr Lys Pro Ala Thr Leu Thr Gly Ile Glu Lys Tyr

85 90 95

Leu Gly Ser Gly Leu Ile Lys Gly Val Gly Pro Val Thr Ala Lys Arg

100 105 110

Ile Val Ala His Phe Gly Leu Asp Thr Leu Asp Ile Ile Glu Thr His

115 120 125

Ile Glu Arg Leu Ile Glu Val Pro Gly Ile Ala Lys Lys Arg Val Lys

130 135 140

Leu Ile Gln Thr Ala Leu Asp Ser Gln Lys Ala Ile Lys Glu Val Met

145 150 155 160

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

165 170 175

Phe Lys Gln Tyr Gly Asp Glu Ser Ile Glu Thr Val Thr His Asn Pro
 180 185 190
 Tyr Arg Leu Ala Thr Asp Val Tyr Gly Ile Gly Phe Val Thr Ala Asp
 195 200 205
 Glu Ile Ala Arg Ser Leu Gly Ile Ser Pro His Ser Glu Tyr Arg Tyr
 210 215 220
 Arg Ser Gly Leu Leu His Val Leu Ser Glu Ser Ala Glu Glu Gly His
 225 230 235 240

 Cys Tyr Leu Pro Gln Pro Glu Leu Ile Asp Arg Ala Val Lys Arg Leu
 245 250 255
 Ala Leu Pro Asp Tyr Gln Pro Lys Pro Asp Gln Val Glu Tyr Leu Ile
 260 265 270
 His Ala Met Ile Ser Asp Ala Glu Leu Ile Val Glu Arg Leu Thr His
 275 280 285
 Glu Gly Ser Thr Lys Leu Leu Cys Tyr Ala Pro Pro Phe Phe Gln Ala
 290 295 300

 Glu Phe His Leu Ser Arg Arg Val Leu Gln Leu Leu Ala Ser Ser Leu
 305 310 315 320
 Val Val Asp Asn Glu Arg Val Arg Ala Trp Leu Asp Arg Phe Met Ala
 325 330 335
 Gln Thr Asp Val Ser Leu Ser Lys Gln Gln Gln Gln Ala Val Glu Met
 340 345 350
 Ala Ala Ser Gln Arg Val Val Ile Leu Thr Gly Gly Pro Gly Thr Gly
 355 360 365

 Lys Thr Phe Thr Thr Arg Thr Ile Val Ala Leu Trp Lys Ala Met Gly
 370 375 380
 Lys Asp Ile Val Leu Ala Ser Pro Thr Gly Arg Ala Ala Gln Arg Leu
 385 390 395 400
 Ser Glu Val Thr Gly His Glu Ala Lys Thr Ile His Arg Leu Leu Glu
 405 410 415
 Phe Asp Pro Lys Thr Met Lys Phe Gln Arg Asn Ser Asp Asn Pro Ile

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

Ser Gln Gly Ser Glu Tyr Pro Val Val Ile Leu Pro Leu Tyr Met Gln
675 680 685

His Tyr Ile Met Leu Ser Arg Asn Leu Leu Tyr Thr Gly Leu Thr Arg
690 695 700

Ala Lys Lys Leu Ala Ile Leu Val Gly Pro Lys Asn Ala Ile Ser Met
705 710 715 720

Ala Ile Arg Gln Ile Lys Asp Arg Gln Arg Tyr Thr Leu Leu Glu Arg
725 730 735

Arg Leu Gly Gly Val Pro Lys Ala Asn Glu Ser Leu Ala Ser Ala Ile
740 745 750

Leu

<210> 19

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD motif I of RecD2 Ama

<400> 19

Gly Gly Pro Gly Thr Gly Lys Thr

1 5

<210> 20

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Ama

<400> 20

Trp Ala Val Thr Ile His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 21

<211> 710

<212> PRT

<213> Deinococcus deserti

<400> 21

Met Ser His Ala Leu Pro Asn Glu Pro Phe Arg Val Thr Gly Gly Val

1 5 10 15

Asn Lys Val Arg Phe Arg Ala Glu Ser Gly Phe Thr Val Met Thr Ala

20 25 30

Arg Leu Arg Asn Asn Asp Gly Glu Asp Pro Asp Ala Thr Val Ile Gly

35 40 45

Met Met Pro Pro Leu Asp Ala Gly Asp Ser Phe Ser Ala Asp Val Leu

50 55 60

Met Glu Glu His Arg Glu Tyr Gly Tyr Gln Tyr Arg Val Leu Asn Leu

65 70 75 80

Val Leu Glu Ala Thr Pro Ala Asp Leu Thr Glu Ala Gly Val Ala Ala

85 90 95

Tyr Leu Glu Ala Arg Val Gly Gly Val Gly Lys Val Leu Ala Gly Arg

100 105 110

Ile Ala Lys Ala Phe Gly Pro Ala Thr Phe Asp Leu Leu Glu Thr Glu

115 120 125

Pro Asp Lys Leu Leu Gln Val Pro Gly Val Thr Ala Ser Thr Leu His

130 135 140

Lys Met Val Gln Ser Trp Ser Gln Gln Gly Leu Glu Arg Arg Leu Leu

145 150 155 160

Ala Gly Leu Gln Gly Leu Gly Leu Thr Ile Ser Gln Ala Gln Arg Ala

165 170 175

Val Lys His Phe Gly Glu Ala Ala Leu Glu Arg Leu Thr Ala Asp Leu

180 185 190

Phe Ala Leu Thr Glu Val Glu Gly Ile Gly Phe Leu Thr Ala Asp Lys

195 200 205

Leu Trp Gln Ser Gln Gly Gly Ala Leu Asp Asp Ala Arg Arg Leu Thr

210 215 220

Ala Ala Ala Val Tyr Ala Leu Gln Gln Ala Ala Gln Gln Gly Gly His

225 230 235 240

Ser Tyr Leu Pro Arg Ser Arg Ala Glu Arg Gly Val Ala His Tyr Thr

245 250 255
Arg Val Thr Gln Ala Gln Ala Gln Met Ala Val Asp Thr Ala Val Glu

260 265 270
Leu Gly Arg Leu Ser Asp Asp Thr Pro Pro Leu Leu Asp Thr Gln Asp

275 280 285
Pro Leu His Asp Gly Thr Arg Ile Tyr Leu Pro His Val Leu Arg Ala

290 295 300
Glu Lys Lys Leu Ala Gly Leu Ile Arg Thr Leu Leu Ala Thr Pro Pro

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

325 330 335
Glu Gln Ala Gln Ile Leu Asp Leu Leu Glu Asp His Arg Leu Val Val

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

355 360 365
Ala Asp Leu Ala Glu Arg Leu Gly Leu Glu Val Gly Leu Cys Ala Pro

370 375 380
Thr Gly Lys Ala Ala Arg Arg Leu Gly Glu Val Thr Gly Arg Thr Ala

385 390 395 400
Ser Thr Ile His Arg Leu Leu Gly Tyr Gly Pro Ala Gly Phe Arg His

405 410 415
Asn His Leu Glu Pro Ala Pro Tyr Asp Leu Leu Ile Val Asp Glu Val

420 425 430
Ser Met Cys Gly Asp Gly Leu Met Leu Ser Leu Leu Ala Ala Val Pro

435 440 445
Pro Gly Ser Arg Val Leu Leu Val Gly Asp Thr Asp Gln Leu Pro Pro

450 455 460
Val Asp Ala Gly Leu Pro Leu His Ala Leu Thr His Ala Ala Pro Thr

465 470 475 480
Val Arg Leu Thr Gln Val Tyr Arg Gln Ala Ala Glu Asn Pro Ile Ile

485 490 495

Arg Ala Ala His Gly Leu Leu Gln Gly Gln Ala Pro Ala Trp Gly Asp
500 505 510
Pro Arg Leu Asn Leu Ile Glu Thr Glu Pro Asp Gly Gly Ala Arg Arg
515 520 525
Val Ala Leu Thr Val Arg Glu Leu Gly Gly Pro Thr Gln Val Gln Val
530 535 540
Leu Thr Pro Met Arg Lys Gly Pro Leu Gly Val Glu Met Leu Asn His
545 550 555 560
Gln Leu Gln Ser Leu Phe Asn Pro Gly Gln Gly Gly Val Arg Ile Gly
565 570 575
Asp Ser Glu Ala Arg Ala Gly Asp Val Val Val Gln Thr Lys Asn Asp
580 585 590
Tyr Thr Asn Glu Ile Phe Asn Gly Thr Leu Gly Thr Val Leu Lys Ala
595 600 605
Glu Gly Gly Arg Leu Thr Val Asp Phe Asp Gly Asn Ile Val Asp Leu
610 615 620
Ala Gly Ala Glu Leu Phe Asn Leu Gln Leu Gly Tyr Ala Leu Thr Val
625 630 635 640
His Arg Ala Gln Gly Ser Glu Trp Gly Thr Val Leu Gly Val Leu His
645 650 655
Glu Ala His Met Pro Met Leu Ser Arg Asn Leu Val Tyr Thr Ala Leu
660 665 670
Thr Arg Ala Arg Glu Arg Phe Tyr Ala Val Gly Ser Ala Thr Ser Trp
675 680 685
Gln Lys Ala Ala Val Arg Gln Arg Glu Glu Arg Asn Thr Ala Leu Leu
690 695 700
Glu Arg Ile Lys Ala Arg
705 710

<210> 22

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD motif I of RecD2 Dde

<400> 22

Gly Gly Pro Gly Thr Gly Lys Ser

1 5

<210> 23

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Dde

<400> 23

Tyr Ala Leu Thr Val His Arg Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 24

<211> 726

<212> PRT

<213> *Deinococcus geothermalis*

<400> 24

Met Arg Glu Pro Pro Gly Val Phe Pro Ser Arg Gly Val Arg Ala Arg

1 5 10 15

Lys Gly Ala Ile Leu Ala Gly Met Ser Ala Gly Leu Pro Thr Glu Pro

20 25 30

Phe Arg Val Thr Gly Gly Val Asn Lys Val Arg Phe Arg Ala Glu Ser

35 40 45

Gly Phe Thr Val Met Ser Ala Arg Leu Arg Asn Ala Glu Gly Glu Asp

50 55 60

Pro Asp Ala Thr Val Ile Gly Val Met Pro Pro Leu Glu Val Gly Asp

65 70 75 80

Ser Phe Ser Ala Glu Val Leu Met Glu Glu His Arg Glu Tyr Gly His

85 90 95

Gln Tyr Arg Val Leu Asn Met Val Leu Glu Ala Gln Pro Ala Asp Leu

100 105 110

Thr Glu Ala Gly Val Ala Ala Tyr Leu Glu Ala Arg Val Gly Gly Val

115 120 125
Gly Lys Val Leu Ala Gly Arg Ile Ala Arg Thr Phe Gly Pro Ala Thr

130 135 140
Phe Asp Val Leu Glu Gln Glu Pro Glu Lys Leu Leu Gln Val Pro Gly

145 150 155 160
Val Thr Ala Ser Thr Leu His Lys Met Val Ser Ser Trp Ser Gln Gln

165 170 175
Gly Leu Glu Arg Arg Leu Leu Ala Gly Leu Gln Gly Leu Gly Leu Ser

180 185 190
Ile Ser Gln Ala Gln Arg Ala Val Lys His Phe Gly Glu Ala Ala Leu

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

210 215 220
Gly Phe Leu Thr Ala Asp Arg Leu Trp Gln Ala Gln Gly Gly Ala Gln

225 230 235 240
Asp Asp Pro Arg Arg Leu Thr Ala Ala Ala Val Tyr Ala Leu Gln Gln

245 250 255
Ala Gly Gln Gln Gly Gly His Ala Phe Leu Pro Arg Ala Arg Ala Glu

260 265 270
Arg Gly Val Leu His Tyr Thr Arg Val Ser Pro Glu Gln Ala Arg Leu

275 280 285
Ala Val Glu Thr Ala Thr Glu Leu Gly Arg Leu Ala Asp Asp Pro Thr

290 295 300
Pro Ala Gly Glu Ser Arg Ile Tyr Leu Pro His Val Leu Arg Thr Glu

305 310 315 320
Lys Lys Leu Ala Gly Leu Ile Arg Thr Leu Leu Ala Thr Pro Pro Ala

325 330 335
Gly Ala Glu Trp Ala Val Pro Val Gly Ala Ala Gln Gly Leu Ser Glu

340 345 350
Glu Gln Ala Arg Val Leu Gln Leu Leu Glu Asp His Arg Leu Val Val

355 360 365

Leu Thr Gly Gly Pro Gly Thr Gly Lys Ser Thr Ala Thr Arg Ala Val
 370 375 380
 Ala Asp Leu Ala Glu Arg Leu Gly Leu Glu Val Gly Leu Cys Ala Pro

 385 390 395 400
 Thr Gly Lys Ala Ala Arg Arg Leu Gly Glu Val Thr Gly Arg Pro Ala
 405 410 415
 Ser Thr Ile His Arg Leu Leu Gly Tyr Gly Pro Ala Gly Phe Arg His
 420 425 430
 Asn His Leu Glu Pro Ala Pro Tyr Asp Leu Leu Ile Val Asp Glu Val
 435 440 445
 Ser Met Thr Gly Asp Ala Leu Met Leu Ser Leu Leu Ala Ala Val Ala

 450 455 460
 Pro Gly Ala Arg Val Leu Leu Val Gly Asp Thr Asp Gln Leu Pro Pro
 465 470 475 480
 Val Asp Ser Gly Leu Pro Leu Leu Ala Ile Ala Gln Thr Ala Pro Thr
 485 490 495
 Val Arg Leu Ser Thr Val Tyr Arg Gln Ala Ala Glu Asn Pro Ile Ile
 500 505 510
 Arg Ala Ala His Gly Leu Leu His Gly Gln Ala Pro Ser Trp Gly Asp

 515 520 525
 Pro Arg Leu Asp Leu Thr Glu Thr Glu Pro Asp Val Gly Ala Arg Arg
 530 535 540
 Val Ala Leu Met Val Arg Asp Leu Gly Gly Pro Gly Arg Val Gln Val
 545 550 555 560
 Leu Thr Pro Met Arg Lys Gly Pro Leu Gly Val Glu Thr Leu Asn Arg
 565 570 575
 His Leu Gln Ala Leu Phe Asn Pro Gly Glu Gly Gly Thr Arg Ile Ala

 580 585 590
 Asp Gly Glu Ala Arg Pro Gly Asp Val Val Val Gln Thr Lys Asn Asp
 595 600 605
 Tyr Gln Asn Glu Val Phe Asn Gly Thr Val Gly Thr Val Leu Lys Ala

610 615 620
 Glu Gly Gly Arg Leu Thr Val Asp Phe Asp Gly Asn Ile Val Glu Leu
 625 630 635 640
 Ala Gly Ala Glu Leu Phe Asn Leu Gln Leu Gly Tyr Ala Leu Thr Val

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

 705 710 715 720
 Glu Arg Ile Arg Arg Arg
 725
 <210> 25
 <211> 768
 <212> PRT
 <213> Haliangium ochraceum DSM
 <400> 25
 Met Ala Gly Ser Pro Gly Asn Gly Pro Arg Thr Glu Arg His Arg Gln
 1 5 10 15
 Arg Arg Thr Pro Val Ala Asp Asp Pro Ala Gln Thr Gly Ser Val Val
 20 25 30
 Glu Gly Thr Leu Thr Arg Ile Val Tyr Glu Asn Ala Asp Thr His Trp

 35 40 45
 Thr Val Ala Arg Val Arg Val Gly Asp Asp Glu Ala Gly Thr Thr Arg
 50 55 60
 Asp Pro Ala Ala Arg Ala Glu Gly Glu Ile Thr Val Val Gly Ser Met
 65 70 75 80
 Val Gly Val Ala Pro Gly Thr Pro Leu Arg Leu Arg Gly Thr Trp Glu
 85 90 95

Gln His Asn Ser Tyr Gly Arg Gln Phe Arg Val His Ser Tyr Gln Ala

100 105 110

Arg Met Pro Glu Thr Ile Ala Gly Leu Glu Arg Tyr Leu Gly Ser Gly

115 120 125

Glu Phe Arg Gly Ile Gly Pro Glu Leu Ala Lys Arg Ile Val Glu His

130 135 140

Phe Gly Leu Glu Ala Leu Ser Val Ile Glu Lys Ala Pro Lys Arg Leu

145 150 155 160

Gln Glu Val Asp Gly Ile Gly Ala Ala Arg Ala Glu Lys Ile Ala Glu

165 170 175

Ala Trp Thr Ala Gln Arg Asp Val His Asp Val Met Val Phe Leu Arg

180 185 190

Gly Tyr Gly Val Thr Ala Ser Gln Ala Ala Arg Ile His Lys Arg Tyr

195 200 205

Gly Asn Arg Ala Glu Ala Ile Val Arg Glu Asn Pro Tyr Arg Leu Ala

210 215 220

Leu Asp Ile Trp Gly Ile Gly Phe Lys Thr Ala Asp Ser Ile Ala Gln

225 230 235 240

Asn Leu Gly Met Ala Arg Asp Ala Pro Glu Arg Leu Glu Ala Gly Leu

245 250 255

Ile His Val Leu Gly Lys Leu Ala Glu Asp Gly His Val His Val Pro

260 265 270

Glu Pro Asn Leu Leu Asp Thr Ala Ala Gly Ile Leu Glu Val Asp Ala

275 280 285

Met Leu Leu Pro Glu Ala Leu Asp Arg Leu Glu Thr Ser Gln Leu Val

290 295 300

Val Cys Glu Ala Leu Gly Asp Arg Gly Thr Cys Val Ser Leu Thr Phe

305 310 315 320

Leu Trp Gln His Glu Ser Asp Ala Ala Ala Arg Tyr Ala Ala Leu Val

325 330 335

Glu Thr Pro Met Arg Pro Arg Lys Leu Asp Leu Asp Gln Ala Leu Ala

340 345 350
Ala Phe Glu Ala Glu Ala Glu Leu Ala Leu Thr Ala Glu Gln Arg Arg

355 360 365
Ala Ala Leu Ala Ala Val Met Asp Lys Ser Val Val Leu Thr Gly Gly

370 375 380
Pro Gly Val Gly Lys Thr Thr Ile Val Arg Ala Ile Val Phe Leu Phe

385 390 395 400
Glu Arg Leu Gly Arg Ser Val Thr Leu Ala Ala Pro Thr Gly Arg Ala

405 410 415
Ala Lys Arg Leu Ala Glu Ser Thr Ala Arg Asp Ala Ala Thr Ile His

420 425 430
Arg Leu Leu Glu Phe Gln Pro Ala Gly Gly Gly Phe Phe Arg Ser Ala

435 440 445
Asp Asn Pro Leu Asp Ser Asp Val Val Ile Ile Asp Glu Thr Ser Met

450 455 460
Val Asp Ile Ala Leu Leu Ala Ala Leu Leu Asp Ala Met Pro Ala Ser

465 470 475 480
Ala Gln Leu Val Leu Val Gly Asp Ile Asp Gln Leu Pro Ser Val Gly

485 490 495
Pro Gly Ala Val Leu Ala Asp Leu Ile Ala Ser Arg Ala Ala Thr Val

500 505 510
Val Arg Leu Thr Glu Ile Phe Arg Gln Ala Arg Glu Ser Arg Ile Val

515 520 525
Met Ala Ala His Glu Ile Asn Ser Gly Met Val Pro Gln Leu Ala Pro

530 535 540
Pro Gln Gly Thr Ser Ala His Arg Ser Asp Phe Tyr Phe Ile Ser Arg

545 550 555 560
Glu Gln Pro Val Arg Ala Arg Glu Thr Ile Val Asp Leu Val Ala Glu

565 570 575
Arg Ile Pro Glu Ala Phe Gly Phe Asp Pro Leu Ala Asp Ile Gln Val

580 585 590

Leu Cys Pro Val His Arg Gly Glu Leu Gly Thr Ile Ala Leu Asn Arg

595 600 605

Ala Leu Gln Glu Arg Leu Thr Pro Ala Val Asp Glu Gln His Gln Val

610 615 620

Thr Arg Gly Glu Arg Ser Tyr Arg Val Gly Asp Lys Val Met Gln Leu

625 630 635 640

Glu Asn Asp Tyr Asp Arg Gly Val Phe Asn Gly Asp Ile Gly Val Ile

645 650 655

Phe Glu Ile Ala Gly Glu Arg Lys Lys Val Leu Val Asp Tyr Met Asp

660 665 670

Gly Arg Val Val Gly Tyr Glu Ala Arg Asp Leu Asp Gln Leu Thr His

675 680 685

Ala Tyr Ala Ile Ser Val His Lys Ser Gln Gly Ser Glu Tyr Pro Val

690 695 700

Val Val Leu Pro Leu Ala Thr Gln His Tyr Ile Met Leu Gln Arg Asn

705 710 715 720

Leu Leu Tyr Thr Ala Val Thr Arg Gly Lys Ser Leu Val Val Ile Val

725 730 735

Gly Ser Ala Lys Ala Val Arg Arg Ala Val Glu Asn Gln Thr Asn Thr

740 745 750

Ala Arg Trp Thr Trp Leu Ala Glu Arg Ile Arg Glu Gln Leu Gly Glu

755 760 765

<210> 26

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD motif I of RecD2 Hoc

<400> 26

Gly Gly Pro Gly Val Gly Lys Thr

1 5

<210> 27

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Hoc

<400> 27

Tyr Ala Ile Ser Val His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 28

<211> 726

<212> PRT

<213> Natranaerobius thermophilus

<400> 28

Met Glu Met Ala Gln Ile Glu Gly Ile Ile Lys Arg Val Thr Tyr His

1 5 10 15

Asn Pro Glu Asn Met Phe Thr Val Ala Lys Leu Val Thr Gln Glu Thr

20 25 30

Arg Asn Glu Ile Thr Ile Val Gly Asn Met Pro His Leu Thr Pro Gly

35 40 45

Glu Arg Leu Asp Leu Ser Gly Glu Tyr Val Asp His Lys Lys Phe Gly

50 55 60

Lys Gln Phe Gln Val Asp Ser Tyr Glu Ile Lys Leu Pro Val Thr Val

65 70 75 80

Asp Gly Leu Ile Lys Phe Leu Ser Ser Gly Met Ile Lys Gly Ile Gly

85 90 95

Pro Lys Thr Ala Glu Ser Leu Val Glu His Phe Gly Lys Glu Val Leu

100 105 110

Gln Val Ile Glu Asn Thr Pro Glu Lys Leu Gln Glu Val Pro Gly Ile

115 120 125

Gly Lys Glu Lys Ala Ala Gln Ile Ser Arg Gly Phe Gln Glu His Lys

130 135 140

Gln Ile Lys Asp Ile Met Val Phe Leu Gln Glu Phe Gly Val Ser Pro

145 150 155 160

Ala Phe Ala Leu Lys Ile Tyr Arg Arg Phe Gly Asp Asn Thr Ile Gln

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

Leu Lys Gly Asp Leu Leu Ile Val Asp Glu Ala Ser Met Ile Asp Thr
420 425 430

Ile Leu Met Asn Asn Leu Leu Lys Ala Ile Ser Pro Gly Thr Arg Leu
435 440 445

Val Leu Val Gly Asp Thr Asp Gln Leu Pro Ser Val Gly Ala Gly Asn
450 455 460

Val Leu Gln Asp Ile Ile Glu Ser Gly Arg Ile Pro Leu Val Arg Leu
465 470 475 480

Lys Arg Val Phe Arg Gln Ala Arg Glu Ser Met Val Val Val Asn Ala
485 490 495

His Arg Ile Asn Glu Gly Lys Phe Pro Ile Leu Asn Ala Lys Gly Lys
500 505 510

Asp Phe Tyr Phe Leu Pro Arg Glu Glu Pro Glu Asp Val Val Lys Thr
515 520 525

Ile Ile Ser Leu Cys Ala Lys Arg Leu Pro Asn Tyr Asn Gly Tyr His
530 535 540

Pro Val Asn Asp Ile Gln Val Leu Ser Pro Met Arg Arg Thr Val Thr
545 550 555 560

Gly Val Glu Asn Leu Asn Gln Ser Leu Gln Lys Val Leu Asn Pro Pro
565 570 575

Gln Lys Asn Lys Ala Glu Ile Asn Phe Gly Gly Ala Cys Tyr Arg Thr
580 585 590

Gly Asp Lys Val Met Gln Val Lys Asn Asp Tyr Glu Lys Asn Val Phe
595 600 605

Asn Gly Asp Thr Gly Ile Val Thr Lys Val Asp Ala Glu Glu Asn Val
610 615 620

Val Asn Val Arg Tyr Gly His Gly Glu Glu Ile Ala Tyr Glu Gly Arg
625 630 635 640

Glu Leu Asp Ala Leu Val His Ala Tyr Cys Ile Ser Val His Lys Ser
645 650 655

Gln Gly Ser Glu Tyr Pro Val Val Val Leu Pro Val Thr Thr Gln His

660 665 670
Tyr Ile Met Leu Gln Arg Asn Leu Leu Tyr Thr Ala Val Thr Arg Ala
675 680 685

Lys Ser Leu Val Val Leu Val Gly Thr Lys Lys Ser Ile Gly Ile Ala
690 695 700
Ile Ser Asn Lys Lys Thr Asp Glu Arg Asn Thr Phe Leu Gln His Arg
705 710 715 720
Ile Ala Val Tyr Glu Val
725

<210> 29

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Nth

<400> 29

Tyr Cys Ile Ser Val His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 30

<211> 729

<212> PRT

<213> Octadecabacter antarcticus

<400> 30

Met Lys Gln Ser Ala Glu Asn Ser Lys Gln Glu Val Leu Ala Gly Leu

1 5 10 15

Val Glu Arg Val Thr Phe His Ser Leu Glu Ser Gly Phe Cys Val Leu

20 25 30

Arg Leu Lys Ala Arg Gly His Arg Asp Leu Val Thr Thr Ile Gly His

35 40 45

Ala Ala Met Ile Ser Ala Gly Glu Trp Val Thr Ala Ser Gly Asp Trp

50 55 60

Ile Asn Asp Arg Asp His Gly Leu Gln Phe Lys Ala Arg Phe Leu Arg

65 70 75 80

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

325 330 335
 Ala Ile Arg Leu Ala Leu Cys Ser Lys Val Thr Val Ile Thr Gly Gly
 340 345 350
 Pro Gly Val Gly Lys Thr Thr Ile Val Asn Ser Ile Leu Gln Ile Leu
 355 360 365
 Ala Ala Lys Ala Val Thr Leu Leu Leu Cys Ala Pro Thr Gly Arg Ala

 370 375 380
 Ala Lys Arg Met Lys Glu Ala Thr Gly Met Glu Ala Lys Thr Ile His
 385 390 395 400
 Arg Leu Leu Glu Ile Asp Pro Asn Ser Phe Gly Phe Lys Arg Asn Glu
 405 410 415
 Glu Asn Pro Leu Glu Cys Asp Leu Leu Val Ile Asp Glu Ser Ser Met
 420 425 430
 Val Asp Val Ser Leu Met Gln Ser Leu Leu Arg Ala Val Pro Asp His

 435 440 445
 Ala Ala Val Leu Ile Val Gly Asp Ile Asp Gln Leu Pro Ser Val Gly
 450 455 460
 Pro Gly Gln Val Leu Ala Asp Ile Ile Gly Ser Asn Ala Ile Pro Ile
 465 470 475 480
 Val Arg Leu Thr Glu Val Phe Arg Gln Ala Ala Lys Ser Arg Ile Ile
 485 490 495
 Thr Asn Ala His Leu Ile Asn Lys Gly Lys Thr Pro Asp Leu Ser Thr

 500 505 510
 Pro Asp Ser Glu Thr Asp Phe Tyr Phe Val Pro Ala Glu Asp Pro Glu
 515 520 525
 Gln Ala Val Ser Arg Ile Ile Thr Leu Val Gln Ser Arg Ile Pro Lys
 530 535 540
 Arg Phe Gly Leu Asp Pro Ile Arg Asp Ile Gln Val Leu Cys Pro Met
 545 550 555 560
 Asn Arg Ser Gly Val Gly Ala Arg Ser Leu Asn Ile Glu Leu Gln Ala

 565 570 575

Ala Leu Asn Thr Pro Gly Glu Asn Lys Val Glu Arg Phe Gly Ser Thr
580 585 590
Phe Ala Pro Gly Asp Lys Val Met Gln Ile Glu Asn Asp Tyr Asp Lys
595 600 605
Glu Val Tyr Asn Gly Asp Ile Gly Tyr Val Glu Ser Val Asp Val Asn
610 615 620
Glu Gly Glu Leu Thr Ala Ser Phe Asp Gly Arg Ala Val Ser Tyr Leu

625 630 635 640
Phe Gly Glu Leu Asp Thr Leu Val Leu Ala Tyr Ala Ala Thr Ile His
645 650 655
Lys Ser Gln Gly Ser Glu Tyr Pro Ala Val Val Ile Pro Val Leu Thr
660 665 670
Gln His Tyr Val Met Leu Gln Arg Asn Leu Leu Tyr Thr Gly Ile Thr
675 680 685
Arg Gly Lys Arg Leu Val Val Leu Val Gly Gln Arg Lys Ala Val Ala

690 695 700
Ile Ala Val Lys Asn Val Ser Gly Arg Gln Arg Trp Ser Lys Leu Asn
705 710 715 720
Glu Trp Leu Val Glu Gly Glu Gly Thr

725

<210> 31

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Oan

<400> 31

Tyr Ala Ala Thr Ile His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 32

<211> 741

<212>

> PRT

<213> Salinispora tropica

<400> 32

Met Ala Asp Val Thr Ala Ala Pro Arg Pro Ala Leu Ala Thr Leu Asp

1 5 10 15

Ala Val Leu Glu Arg Leu Thr Tyr Val Asn Glu Glu Ser Gly Tyr Thr

20 25 30

Val Ala Arg Val Ala Thr Asp Arg Gly Ser Asp Leu Leu Thr Val Val

35 40 45

Gly Ala Leu Leu Gly Ala Gln Pro Gly Glu Ser Leu Arg Leu His Gly

50 55 60

Arg Trp Ser Ser His Pro Lys Tyr Gly Arg Gln Phe Glu Val Asp Ser

65 70 75 80

Tyr Thr Thr Val Leu Pro Ala Thr Ile Gln Gly Ile Gln Arg Tyr Leu

85 90 95

Gly Ser Gly Leu Val Lys Gly Ile Gly Pro Val Phe Ala Glu Arg Ile

100 105 110

Val Ala His Phe Gly Leu Glu Thr Leu Arg Ile Ile Glu Glu Glu Pro

115 120 125

Ala Arg Leu Val Glu Val Pro Gly Leu Gly Pro Lys Arg Thr Ala Lys

130 135 140

Ile Thr Ala Ala Trp Glu Glu Gln Gln Ala Ile Lys Glu Val Met Val

145 150 155 160

Phe Leu Gln Gly Val Gly Val Ser Thr Ser Leu Ala Val Arg Ile Tyr

165 170 175

Lys Gln Tyr Gly Asp Thr Ser Thr Asp Val Val Thr Lys Glu Pro Tyr

180 185 190

Arg Leu Ala Ala Asp Val Trp Gly Ile Gly Phe Lys Thr Ala Asp Thr

195 200 205

Ile Ala Gln Ser Val Gly Ile Pro His Asp Ser Pro Gln Arg Val Met

210 215 220

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

225 230 235 240

Tyr Leu Pro Glu Pro Glu Leu Ile Ala Asp Ala Thr Lys Ile Leu Asp

245 250 255

Val Pro Ala Asp Leu Val Thr Arg Cys Leu Asp Asp Leu Val Ala Glu

260 265 270

Glu Gly Val Val Arg Glu Ser Leu Pro Gly Gly Asp Ala Glu Pro Val

275 280 285

Arg Ala Val Tyr Leu Val Pro Phe His Arg Ala Glu Arg Ser Leu Ala

290 295 300

Thr Ser Leu Leu Arg Leu Leu Asp Asp Gly Thr Asp Arg Leu Pro His

305 310 315 320

Phe Ala Gly Val Asp Trp Ala Lys Ala Leu Thr Trp Leu Lys Ala Arg

325 330 335

Thr Gly Asn Asp Leu Ala Pro Glu Gln Glu Gln Ala Val Arg Leu Ala

340 345 350

Leu Thr Ser Lys Val Ala Val Leu Thr Gly Gly Pro Gly Cys Gly Lys

355 360 365

Ser Phe Thr Val Arg Ser Ile Val Glu Leu Ala Ala Ala Lys Arg Ala

370 375 380

Lys Val Thr Leu Val Ala Pro Thr Gly Arg Ala Ala Lys Arg Leu Ser

385 390 395 400

Glu Leu Thr Gly His Pro Ala Ala Thr Val His Arg Leu Leu Gln Leu

405 410 415

Arg Pro Gly Gly Asp Ala Ser Tyr Asp Arg Asp Asn Pro Leu Asp Val

420 425 430

Asp Leu Leu Val Val Asp Glu Ala Ser Met Leu Asp Leu Ile Leu Ala

435 440 445

Asn Lys Leu Val Lys Ala Val Pro Pro Gly Ala His Leu Leu Leu Val

450 455 460

Gly Asp Val Asp Gln Leu Pro Ser Val Gly Ala Gly Glu Val Leu Arg

465 470 475 480

Asp Leu Leu Ala Ala Pro Ala Ile Pro Arg Val Arg Leu Thr Gln Ile

485 490 495
Phe Arg Gln Ala Ala Gln Ser Gly Val Val Thr Asn Ala His Arg Ile

500 505 510
Asn Ala Gly Arg Pro Pro Leu Leu Gln Gly Leu Pro Asp Phe Phe Leu

515 520 525
Phe Ala Cys Asp Asp Thr Glu Ala Thr Ala Glu Arg Thr Val Asp Val

530 535 540
Ala Cys Ser Arg Ile Pro Ala Lys Phe Arg Leu Asp Pro Arg Arg Asp

545 550 555 560
Val Gln Val Leu Thr Pro Met His Arg Gly Pro Ala Gly Ser Gly Ala

565 570 575
Leu Asn Thr Leu Leu Gln Gln Arg Leu Thr Pro His Arg Glu Gly Gln

580 585 590
Pro Glu Arg Arg Ala Gly Gly Arg Val Phe Arg Ile Gly Asp Lys Val

595 600 605
Thr Gln Ile Arg Asn Asn Tyr Asp Lys Gly Glu Ala Gly Val Phe Asn

610 615 620
Gly Thr Leu Gly Ile Val Thr Gln Leu Ser Thr Glu Glu Gln Thr Leu

625 630 635 640
Thr Val Arg Thr Asp Glu Asp Glu Ser Ile Asp Tyr Asp Phe Asp Glu

645 650 655
Leu Asp Glu Leu Ala His Ala Tyr Ala Met Thr Ile His Arg Ser Gln

660 665 670
Gly Ser Glu Tyr Pro Ala Val Val Ile Pro Leu Thr Thr Ser Ala Trp

675 680 685
Met Met Leu Gln Arg Asn Leu Leu Tyr Thr Ala Val Thr Arg Ala Lys

690 695 700
Gln Leu Val Val Leu Val Gly Ser Arg Arg Ala Leu Ala Ala Ala Val

705 710 715 720
Arg Thr Val Gly Ala Gly Arg Arg His Thr Ala Leu Asn His Arg Leu

725 730 735

Ala Ala Ala Thr Pro

740

<210> 33

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD motif I of RecD2 Str

<400> 33

Gly Gly Pro Gly Cys Gly Lys Ser

1 5

<210> 34

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Str

<400> 34

Tyr Ala Met Thr Ile His Arg Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 35

<211> 732

<212> PRT

<213> Desulfonatronospira thiodismutans

<400> 35

Met Asn Thr Ser Asn Thr Thr Ser Leu Glu Tyr Leu Gln Gly Gln Ile

1 5 10 15

Glu Arg Ile Thr Tyr Thr Asn Glu Glu Asn Gly Tyr Thr Val Ala Lys

20 25 30

Val Lys Val Arg Gly Arg Arg Asp Leu Val Thr Val Val Gly Ser Ile

35 40 45

Ala Ser Pro Leu Ala Gly Gln Val Leu Lys Met Lys Gly Glu Trp Ser

50 55 60

Asn His Pro Lys Phe Gly Glu Gln Phe Lys Ala Val Phe Cys Glu Cys

65 70 75 80

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

85 90 95

Leu Ile Lys Gly Ile Gly Pro Val Met Ala Lys Lys Ile Val Ser Leu

100 105 110

Phe Gly Asp Lys Thr Leu Asp Ile Ile Glu His Glu Thr Asp Arg Leu

115 120 125

Thr Glu Val Asp Gly Ile Gly Gln Lys Arg Ile Glu Lys Ile Lys Lys

130 135 140

Ala Trp Glu Glu Gln Lys Glu Ile Arg Glu Val Met Leu Phe Leu Gln

145 150 155 160

Gly His Gly Val Ser Ser Thr Tyr Ala Ser Lys Ile Phe Lys Thr Tyr

165 170 175

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

180 185 190

Thr Asp Ile Phe Gly Ile Gly Phe Ile Thr Ala Asp Asn Ile Ala Gln

195 200 205

Lys Leu Gly Phe Ser Leu Glu Ser Glu Phe Arg Ile Gln Ala Gly Ile

210 215 220

Leu Tyr Val Leu His Gln Leu Ser Asp Glu Gly His Val Tyr Tyr Pro

225 230 235 240

Arg Gln Asp Leu Ala Arg Lys Ala Ala Glu Ile Leu Lys Val Asp Ala

245 250 255

Glu Leu Val Asp Gln Gln Ile Asp Ser Leu Glu Thr Leu Gln Tyr Ile

260 265 270

Val Met Glu Ser Leu Pro Gln Gln Glu Gln Lys Ala Val Tyr Leu Ala

275 280 285

Lys Tyr Phe Tyr Ser Glu Thr Ser Ile Ala Ala Lys Leu Lys Lys Leu

290 295 300

Ile Lys Ala Pro Lys Ser Ile Arg Gln Val Asp Thr Asp Lys Ala Leu

305 310 315 320

Asp Trp Val Gln Lys Thr Tyr Gly Leu Asn Leu Ala Glu Lys Gln Ala

325 330 335
Glu Ala Val Arg Lys Ala Leu Leu Asp Lys Ile Leu Val Ile Thr Gly

340 345 350
Gly Pro Gly Thr Gly Lys Ser Phe Leu Leu Asn Ala Ile Leu Lys Ile

355 360 365
Val Ser Arg Leu Lys Val Lys Ile Leu Leu Ala Ala Pro Thr Gly Arg

370 375 380
Ala Ala Lys Arg Met Gln Glu Ser Thr Gly Tyr Glu Ala Lys Thr Ile

385 390 395 400
His Arg Leu Leu Glu Phe Asp Phe Gln Lys Gly Gly Phe Lys Lys Asn

405 410 415
Asp Glu His Pro Leu Asn Cys Asp Leu Leu Ile Val Asp Glu Met Ser

420 425 430
Met Val Asp Thr Val Leu Met His His Leu Leu Lys Ala Val Arg Met

435 440 445
Asp Thr Thr Leu Ile Met Val Gly Asp Val Asn Gln Leu Pro Ser Val

450 455 460
Gly Pro Gly Asn Val Leu Lys Asp Ile Ile Asn Ser Gly Ser Val Pro

465 470 475 480
Val Val Glu Leu Asn Glu Ile Phe Arg Gln Ala Arg Glu Ser Ser Ile

485 490 495
Ile Val Asn Ala His Met Ile Asn Gln Gly Arg Leu Pro Val Leu Gln

500 505 510
Pro Arg Gln Asp Lys Leu Asp Asp Phe Phe Phe Met Gln Glu Glu Asp

515 520 525
Pro His Lys Val Leu Glu Lys Ile Lys Tyr Ile Val Met Glu Arg Ile

530 535 540
Pro Gln Arg Phe Lys Leu Asn Pro Ile Asp His Val Gln Val Ile Ser

545 550 555 560
Pro Met Asn Arg Gly Val Val Gly Val Ser Asn Leu Asn Thr Glu Leu

565 570 575

Gln Ala Cys Leu Asn Pro Gln Gly Gln Glu Ile Ile Arg Gly Gly Lys
580 585 590
Thr Phe Arg Gln Gly Asp Lys Val Met Gln Ile Arg Asn Asn Tyr Asp
595 600 605
Lys Glu Val Phe Asn Gly Asp Ile Gly Val Ile Thr Gly Leu Asp Leu
610 615 620
Glu Glu Gln Glu Ile Lys Val Arg Phe Tyr Asp Arg Gln Val Val Tyr
625 630 635 640
Glu Tyr Ser Asp Leu Asp Glu Leu Val Leu Ala Tyr Ala Val Ser Ile
645 650 655
His Lys Ser Gln Gly Ser Asp Tyr Pro Ala Val Val Ile Pro Leu Leu
660 665 670
Thr Gln His Tyr Ile Met Leu Gln Lys Asn Leu Val Tyr Thr Gly Ile
675 680 685
Thr Arg Gly Lys Asn Leu Val Val Val Ile Gly Thr Lys Lys Ala Leu
690 695 700
Ala Ile Ala Val Lys Asn Ala Gly Thr Asn Glu Arg Tyr Thr His Leu
705 710 715 720
Ala Gly Arg Leu Asn His Lys Ile Gln Glu Ile Thr

725 730

<210> 36

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Dth

<400> 36

Tyr Ala Val Ser Ile His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 37

<211> 730

<212> PRT

<213> Nitrosococcus halophilus

<400> 37

Met Lys Pro Pro Leu His Ser Glu Thr Pro Pro Glu Phe Leu Thr Gly

1 5 10 15

Ala Val Glu Arg Val Thr Phe His Ser Glu Glu Asn Gly Phe Cys Val

20 25 30

Leu Arg Ile Lys Val Arg Gly Glu Arg Asp Leu Ile Thr Val Val Gly

35 40 45

Asn Thr Pro Thr Val Thr Pro Gly Glu Tyr Val Glu Cys His Gly Glu

50 55 60

Trp Val Asn Asp Arg Thr His Gly Leu Gln Phe Lys Thr Lys His Leu

65 70 75 80

Arg Val Ile Pro Pro Ser Thr Leu Glu Gly Ile Glu Lys Tyr Leu Gly

85 90 95

Ser Gly Met Val Lys Gly Ile Gly Pro His Phe Ala Lys Lys Leu Val

100 105 110

Gln Ala Phe Gly Glu Gln Val Phe Glu Val Ile Glu His Glu Ser Glu

115 120 125

Arg Leu Thr Glu Leu Asp Gly Ile Gly Pro Lys Arg Lys Glu Gln Val

130 135 140

Ile Gln Ala Trp Ala Glu Gln Arg Val Ile Arg Ala Ile Met Val Phe

145 150 155 160

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

165 170 175

Thr Tyr Gly Asp Lys Ala Ile Glu Arg Val Arg Glu Asn Pro Tyr Arg

180 185 190

Leu Ala Leu Asp Ile His Gly Ile Gly Phe Lys Thr Ala Asp Arg Ile

195 200 205

Ala Gln Arg Leu Gly Ile Pro Ala Asp Ser Leu Ile Arg Ala Gln Ala

210 215 220

Gly Val Arg His Val Leu Gln Glu Phe Ala Asn Glu Gly His Cys Ala

225 230 235 240

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

Pro Ala Pro Ile Ile Glu Gln Ala Ile Thr Gln Glu Val Ala Glu Gly
260 265 270

Gln Leu Ile Ala Glu Ile Ile Ala Gly Lys Pro Cys Leu Phe Leu Ala
275 280 285

Pro Leu Tyr Arg Ser Glu Ile Gly Val Ala Lys His Leu Gln Arg Leu
290 295 300

Leu Arg Gly Val Pro Pro Trp Gly Gln Ile Asn Ala Asp Lys Ala Ile
305 310 315 320

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

Val Ala Leu Ile Gln Thr Ile Asn Asn Lys Ile Thr Val Ile Thr Gly
340 345 350

Gly Pro Gly Val Gly Lys Thr Thr Val Val Asn Ser Ile Leu Arg Ile
355 360 365

Val Arg Ala Lys Gln Thr Gln Val Leu Leu Gly Ala Pro Thr Gly Arg
370 375 380

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

His Arg Leu Leu Glu Phe Asp Pro His Ala Met Gly Phe Lys His His
405 410 415

Ala Ala Asn Pro Leu Gln Ala Asp Leu Ile Val Ile Asp Glu Val Ser
420 425 430

Met Val Asp Val Gly Leu Met Asn Gln Leu Leu Gln Ala Ile Pro Asn
435 440 445

His Ala Ala Cys Ile Leu Ile Gly Asp Lys Asp Gln Leu Pro Ser Val
450 455 460

Gly Pro Gly Gln Ile Leu Ala Asp Ile Ile Ala Ser Gln Lys Ile Ser
465 470 475 480

Thr Val His Leu Ser Glu Val Phe Arg Gln Ala Ala Ser Ser Lys Ile

485 490 495
 Val Val Asn Ala His Arg Ile Asn Gln Gly Lys Met Pro Glu Lys Ala
 500 505 510
 Asp Glu Ala Ala Thr Leu Ser Asp Phe Tyr Phe Ile Pro Thr Lys Ser
 515 520 525
 Pro Glu Thr Ile Gln Asp Arg Val Leu Glu Leu Val Thr Ser Arg Ile

 530 535 540
 Pro Lys Arg Phe Gly Phe Asp Ser Thr Arg Asp Ile Gln Val Leu Thr
 545 550 555 560
 Pro Met Asn Arg Gly Ser Leu Gly Ala Arg Ala Leu Asn Gly Leu Leu
 565 570 575
 Gln Gln Gln Leu Asn Gly Gln Ser Gln Pro Lys Ile Asn Arg Phe Gly
 580 585 590
 Trp Ser Phe Ala Pro Gly Asp Lys Val Ile Gln Thr Val Asn Asn Tyr

 595 600 605
 Asp Lys Glu Val Phe Asn Gly Asp Ile Gly Arg Ile Thr Arg Ile Ala
 610 615 620
 Leu Glu Glu Gly Leu Val His Ile Asp Phe Asp Gly Arg Glu Ile Glu
 625 630 635 640
 Tyr Glu Leu Gly Glu Leu Asp Glu Ile Ala Leu Ala Tyr Ala Thr Ser
 645 650 655
 Val His Lys Ser Gln Gly Ser Glu Tyr Pro Ala Val Val Ile Pro Leu

 660 665 670
 Ala Ile Gln His Tyr Thr Leu Leu Gln Arg Asn Leu Leu Tyr Thr Gly
 675 680 685
 Ile Thr Arg Gly Lys Arg Leu Val Val Leu Val Gly Gln Pro Lys Ala
 690 695 700
 Leu Ala Ile Ala Val Lys Arg Ile Asn Ser Thr Ala Arg Leu Thr His
 705 710 715 720
 Leu Ser Ala Arg Leu Ala Asn Ser Gln Ile
 725 730

<210> 38

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Nha

<400> 38

Tyr Ala Thr Ser Val His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 39

<211> 728

<212> PRT

<213> Desulfohalobium retbaense

<400> 39

Met Ser Ala Thr Thr Leu Gln Ala Glu Ile Val Ser Ile Val Phe His

1 5 10 15

Asn Pro Glu Asn Asp Tyr Val Val Ala Arg Ala Arg Ala Glu Gly Glu

20 25 30

Pro Gly Gln Ser Thr Val Val Gly Ile Met Pro Gln Val Met Pro Gly

35 40 45

Glu Gln Val Arg Leu Glu Gly Glu Trp Arg Glu His Pro Lys Phe Gly

50 55 60

Arg Gln Phe His Ala Val Ser His Thr Arg Glu Leu Pro Ala Thr Ile

65 70 75 80

Asn Gly Ile Arg Arg Tyr Leu Ala Ser Gly Arg Ile Lys Gly Val Gly

85 90 95

Pro Val Met Ala Glu Arg Leu Val Gln Phe Phe Gly Lys Asp Val Leu

100 105 110

Asp Ile Leu Asp Asn Ala Pro Glu Arg Leu Leu Glu Val Glu Gly Leu

115 120 125

Gly Lys Lys Thr Leu Glu Gly Ile Lys Ala Ser Trp Asp Gln Gln Arg

130 135 140

Glu Val Arg Asn Val Met Leu Phe Leu Gln Ser His Asp Val Pro Pro

145 150 155 160
 Thr Tyr Ala Gly Arg Ile Phe Ala Arg Tyr Gly Asn Gln Ala Val Glu
 165 170 175
 Lys Leu Gln Gln Asn Pro Tyr Glu Leu Ala Tyr Glu Ile Arg Gly Ile
 180 185 190
 Gly Phe Lys Thr Ala Asp Thr Met Ala Leu Lys Leu Gly Phe Gln Glu
 195 200 205
 Asp Ser Pro Glu Arg Leu Glu Ala Gly Leu Val Tyr Thr Leu Phe Gln
 210 215 220

 Phe Ala Glu Gln Gly His Met Phe Tyr Pro Gly Asp Glu Leu Val His
 225 230 235 240
 Lys Val Thr Glu Thr Leu Gly Val Gly Asp Thr Gly Lys Val Asp Gly
 245 250 255
 Ala Leu Ala Arg Leu Glu Glu Arg Lys Arg Val Val Val Glu Asp Leu
 260 265 270
 Pro Glu Gln Ala Val Leu Arg Ala Val Phe Leu Arg His Phe His Asn
 275 280 285

 Trp Glu Ala Glu Ile Ala Ser Arg Leu Thr Ala Leu Val Ser His Pro
 290 295 300
 Ala Pro Val Asn Glu Gly Lys Leu Asp Ser Ile Leu Pro Gly Leu Glu
 305 310 315 320
 Gln Lys Ile Gly Val Ala Leu Ser Ser Glu Gln Lys Glu Ala Val Phe
 325 330 335
 Glu Ala Cys Ala Asn Lys Thr Phe Ile Leu Thr Gly Gly Pro Gly Thr
 340 345 350

 Gly Lys Thr Thr Ile Thr Gln Ala Val Val Arg Gly Leu Gly Lys Leu
 355 360 365
 Gly Tyr Lys Ile Lys Leu Ala Ala Pro Thr Gly Arg Ala Ala Lys Arg
 370 375 380
 Leu Ser Glu Ala Thr Gly Ala Ser Ala Ser Thr Leu His Arg Leu Leu
 385 390 395 400

Gly Phe Ser Pro Asp Gly Ala Phe Ala Tyr Asn Glu Glu Lys Lys Leu
405 410 415

Lys Val Asp Ala Leu Val Val Asp Glu Ala Ser Met Leu Asp Cys Gln
420 425 430

Leu Cys Val His Leu Leu Arg Ala Leu Pro Leu Thr Cys Arg Leu Ile
435 440 445

Leu Val Gly Asp Val His Gln Leu Pro Ser Val Gly Ala Gly Asn Ile
450 455 460

Leu Glu Asp Leu Leu Glu Ser Arg Ala Val Pro Ser Arg His Leu Thr
465 470 475 480

His Ile Phe Arg Gln Ala Gln Glu Ser Leu Ile Val Val Asn Ala His
485 490 495

Arg Phe Asn Glu Gly Leu Phe Pro Thr Thr Ser Ala Lys Glu Pro Pro
500 505 510

Glu Ala Asp Phe Phe Trp Val Glu Gln Asp Asp Pro Ala Arg Val Gln
515 520 525

Glu Ile Ile Arg Gln Leu Val Cys Glu Arg Ile Pro Ala Ile Tyr Gly
530 535 540

Leu Asp Pro Leu Arg Asp Val Gln Val Leu Ser Pro Met His Lys Gly
545 550 555 560

Glu Val Gly Thr Gln Gln Leu Asn Thr Leu Leu Gln Gln Glu Leu Asn
565 570 575

Pro Ser Gly Pro Thr Leu Thr Arg Gly Asn Arg Met Phe Arg Gln Gly
580 585 590

Asp Arg Val Leu Gln Thr Arg Asn Asn Tyr Glu Lys Asp Val Phe Asn
595 600 605

Gly Asp Leu Gly Trp Ile Thr Ala Ile Asn Ala Asp Ser Gln Thr Met
610 615 620

Gln Ile Asp Phe Glu Gly Arg Asp Leu Thr Tyr Glu Gln Gly Glu Leu
625 630 635 640

Asp Glu Leu Thr Leu Ala Tyr Ala Val Ser Val His Lys Ser Gln Gly

645 650 655
 Ser Glu Tyr Pro Ala Val Val Leu Pro Val Val Thr Gln His Phe Met
 660 665 670

Leu Leu Gln Arg Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Leu Thr Arg Ala Lys Ser
 675 680 685

Leu Ala Val Leu Val Gly Ser Ser Lys Ala Leu Gly Ile Ala Leu Asn
 690 695 700

His Lys Arg Gly Ala Glu Arg Tyr Thr His Leu Arg Tyr Arg Leu Gln
 705 710 715 720

Asp Ala Ala Asn Asp Ile Pro Tyr
 725

<210> 40

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Dre

<400> 40

Tyr Ala Val Ser Val His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 41

<211> 715

<212> PRT

<213> Deinococcus radiidurans

<400> 41

Met Ser Ala Ala Leu Pro Ala Glu Pro Phe Arg Val Ser Gly Gly Val

1 5 10 15

Asn Lys Val Arg Phe Arg Ser Asp Thr Gly Phe Thr Val Met Ser Ala

20 25 30

Thr Leu Arg Asn Glu Gln Gly Glu Asp Pro Asp Ala Thr Val Ile Gly

35 40 45

Val Met Pro Pro Leu Asp Val Gly Asp Thr Phe Ser Ala Glu Val Leu

50 55 60

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

 100 105 110
Ile Ala Lys Thr Phe Gly Ala Ala Ala Phe Asp Leu Leu Glu Asp Asp
 115 120 125
Pro Gln Lys Phe Leu Gln Val Pro Gly Ile Thr Glu Ser Thr Leu His
 130 135 140
Lys Met Val Ser Ser Trp Ser Gln Gln Gly Leu Glu Arg Arg Leu Leu
145 150 155 160
Ala Gly Leu Gln Gly Leu Gly Leu Thr Ile Asn Gln Ala Gln Arg Ala

 165 170 175
Val Lys His Phe Gly Ala Asp Ala Leu Asp Arg Leu Glu Lys Asp Leu
 180 185 190
Phe Thr Leu Thr Glu Val Glu Gly Ile Gly Phe Leu Thr Ala Asp Lys
 195 200 205
Leu Trp Gln Ala Arg Gly Gly Ala Leu Asp Asp Pro Arg Arg Leu Thr
 210 215 220
Ala Ala Ala Val Tyr Ala Leu Gln Leu Ala Gly Thr Gln Ala Gly His

225 230 235 240
Ser Phe Leu Pro Arg Ser Arg Ala Glu Lys Gly Val Val His Tyr Thr
 245 250 255
Arg Val Thr Pro Gly Gln Ala Arg Leu Ala Val Glu Thr Ala Val Glu
 260 265 270
Leu Gly Arg Leu Ser Glu Asp Asp Ser Pro Leu Phe Ala Ala Glu Ala
 275 280 285
Ala Ala Thr Gly Glu Gly Arg Ile Tyr Leu Pro His Val Leu Arg Ala

 290 295 300
Glu Lys Lys Leu Ala Ser Leu Ile Arg Thr Leu Leu Ala Thr Pro Pro

305 310 315 320
 Ala Asp Gly Ala Gly Asn Asp Asp Trp Ala Val Pro Lys Lys Ala Arg
 325 330 335
 Lys Gly Leu Ser Glu Glu Gln Ala Ser Val Leu Asp Gln Leu Ala Gly
 340 345 350
 His Arg Leu Val Val Leu Thr Gly Gly Pro Gly Thr Gly Lys Ser Thr

 355 360 365
 Thr Thr Lys Ala Val Ala Asp Leu Ala Glu Ser Leu Gly Leu Glu Val
 370 375 380
 Gly Leu Cys Ala Pro Thr Gly Lys Ala Ala Arg Arg Leu Gly Glu Val
 385 390 395 400
 Thr Gly Arg Thr Ala Ser Thr Val His Arg Leu Leu Gly Tyr Gly Pro
 405 410 415
 Gln Gly Phe Arg His Asn His Leu Glu Pro Ala Pro Tyr Asp Leu Leu

 420 425 430
 Ile Val Asp Glu Val Ser Met Met Gly Asp Ala Leu Met Leu Ser Leu
 435 440 445
 Leu Ala Ala Val Pro Pro Gly Ala Arg Val Leu Leu Val Gly Asp Thr
 450 455 460
 Asp Gln Leu Pro Pro Val Asp Ala Gly Leu Pro Leu Leu Ala Leu Ala
 465 470 475 480
 Gln Ala Ala Pro Thr Ile Lys Leu Thr Gln Val Tyr Arg Gln Ala Ala

 485 490 495
 Lys Asn Pro Ile Ile Gln Ala Ala His Gly Leu Leu His Gly Glu Ala
 500 505 510
 Pro Ala Trp Gly Asp Lys Arg Leu Asn Leu Thr Glu Ile Glu Pro Asp
 515 520 525
 Gly Gly Ala Arg Arg Val Ala Leu Met Val Arg Glu Leu Gly Gly Pro
 530 535 540
 Gly Ala Val Gln Val Leu Thr Pro Met Arg Lys Gly Pro Leu Gly Met

 545 550 555 560

Asp His Leu Asn Tyr His Leu Gln Ala Leu Phe Asn Pro Gly Glu Gly
565 570 575
Gly Val Arg Ile Ala Glu Gly Glu Ala Arg Pro Gly Asp Thr Val Val
580 585 590
Gln Thr Lys Asn Asp Tyr Asn Asn Glu Ile Phe Asn Gly Thr Leu Gly
595 600 605
Met Val Leu Lys Ala Glu Gly Ala Arg Leu Thr Val Asp Phe Asp Gly
610 615 620
Asn Val Val Glu Leu Thr Gly Ala Glu Leu Phe Asn Leu Gln Leu Gly
625 630 635 640
Tyr Ala Leu Thr Val His Arg Ala Gln Gly Ser Glu Trp Gly Thr Val
645 650 655
Leu Gly Val Leu His Glu Ala His Met Pro Met Leu Ser Arg Asn Leu
660 665 670
Val Tyr Thr Ala Leu Thr Arg Ala Arg Asp Arg Phe Phe Ser Ala Gly
675 680 685
Ser Ala Ser Ala Trp Gln Ile Ala Ala Ala Arg Gln Arg Glu Ala Arg
690 695 700
Asn Thr Ala Leu Leu Glu Arg Ile Arg Ala His
705 710 715
<210> 42
<211> 738
<212> PRT
<213> Chlorobium chlorochromatii
<400> 42
Met Ser Val Gln Asp Gly Gln Glu Ser Tyr Tyr Tyr Ser Pro Lys Glu
1 5 10 15
Arg Leu Ser Gly Ala Val Glu Arg Val Thr Phe His Ser Gln Lys Asn
20 25 30
Gly Phe Ser Val Leu Arg Ile Lys Val Lys Gly Arg Arg Asp Leu Val
35 40 45
Thr Val Val Gly Ala Thr Pro Ser Ile Ala Pro Gly Glu Phe Val Glu

50 55 60
 Cys Leu Gly Glu Trp His Asn Asp Ser Thr Tyr Gly Leu Gln Phe Arg
 65 70 75 80
 Ala Thr Glu Leu Thr Val Val Pro Pro Glu Thr Ile Asp Gly Ile Glu

 85 90 95
 Lys Tyr Leu Ala Ser Gly Met Val Lys Gly Ile Gly Pro His Phe Ala
 100 105 110
 Lys Thr Leu Val Tyr Ala Phe Arg Glu Asp Val Phe Thr Val Ile Glu
 115 120 125
 Glu Glu Pro Glu Arg Leu Leu Glu Leu Pro Gly Ile Gly Gln Lys Arg
 130 135 140
 Met Glu Met Val Thr Ser Ala Trp Ala Asp Gln Lys Val Ile Arg Asp

 145 150 155 160
 Ile Met Val Phe Leu Gln Ser His Gly Leu Gly Thr Ser Arg Ala Val
 165 170 175
 Arg Ile Phe Lys Thr Tyr Gly Asn Glu Ser Ile Leu Arg Val Lys Glu
 180 185 190
 Asn Pro Tyr Arg Leu Val Leu Asp Ile Tyr Gly Val Gly Phe Lys Thr
 195 200 205
 Ala Asp Ala Leu Ala Met Gln Leu Gly Ile Ala Pro Asp Ser Leu Ile

 210 215 220
 Arg Ala Gln Ala Gly Val His His Val Leu Gln Glu Ile Ala Ser Ser
 225 230 235 240
 Gly His Cys Ala Ala Pro Arg Glu Gln Leu Val Ala Glu Ala Ser Arg
 245 250 255
 Leu Leu Ser Ile Pro Glu Glu Arg Thr His Glu Ala Ile Asp Ala Glu
 260 265 270
 Leu Arg Ala Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Leu Arg Gly Val Glu Thr

 275 280 285
 Leu Tyr Leu Leu Ser Leu His Arg Ala Glu Leu Gly Val Ala Thr Ser
 290 295 300

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

545 550 555 560
Val Leu Thr Pro Met Asn Arg Gly Gly Leu Gly Ala Arg Ala Leu Asn
 565 570 575
Val Glu Leu Gln Lys Val Leu Asn Gly Gln Val Glu Pro Ser Val Thr
 580 585 590
Arg Phe Gly Thr Arg Tyr Ala Ala Gly Asp Lys Val Ile Gln Met Val

 595 600 605
Asn Asn Tyr Asp Lys Glu Val Phe Asn Gly Asp Ile Gly His Ile Ser
 610 615 620
Ala Val Glu Arg Glu Asp Gly Ala Val Leu Val Asp Phe Asp Gly Thr
625 630 635 640
Leu Val Ser Tyr Glu Phe Gly Glu Leu Asp Glu Leu Ser Leu Ala Tyr
 645 650 655
Ala Thr Ser Ile His Lys Ser Gln Gly Ser Glu Tyr Pro Ala Val Val

 660 665 670
Ile Pro Leu Ala Met Gln His Tyr Asn Leu Leu Glu Arg Asn Leu Ile
 675 680 685
Tyr Thr Ala Val Thr Arg Gly Lys Lys Leu Val Val Ile Ile Gly Glu
 690 695 700
Thr Arg Ala Leu Ala Met Ala Val Lys Asn His Lys Ala Met Arg Arg
705 710 715 720
Leu Thr Gly Leu Ala Glu Arg Leu Ser Ala Leu Ala Arg Tyr Glu Ala

 725 730 735
Asn Leu

<210> 43

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Cch

<400> 43

Tyr Ala Thr Ser Ile His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 44

<211> 715

<212> PRT

<213> Deinococcus maricopensis

<400> 44

Met Leu Asp Thr Ser Ser Pro His Pro Ala Leu Cys Cys Thr Arg Asn

1 5 10 15

Val Thr Glu Arg Thr Pro Thr Ala Gln Pro His Leu Gln Val Thr Gly

20 25 30

Thr Val Gln Lys Val Arg Tyr Arg Ala Asp Ser Gly Phe Ala Val Leu

35 40 45

Thr Ala Ser Ile Arg Asn Asp His Gly Glu Asp Pro Asp Ala Thr Leu

50 55 60

Val Gly Pro Val Pro Pro Leu Glu Ala Gly Asp Ala Phe Thr Ala Thr

65 70 75 80

Val Val Val Glu Glu His Arg Glu Tyr Gly Pro Gln Tyr Lys Val Ile

85 90 95

Gly Met Ile Leu Asp Ala His Pro Thr Asp Leu Asn Glu Ala Gly Val

100 105 110

Ala Ala Tyr Leu Glu Ala Arg Val Gly Gly Val Gly Arg Val Leu Ala

115 120 125

Gly Arg Ile Ala Arg Ala Phe Gly Ser Ala Thr Phe Asp Ile Leu Thr

130 135 140

Asp Asp Pro Lys Arg Leu Leu Gln Val Pro Gly Val Thr Gln Ser Thr

145 150 155 160

Leu His Lys Ile Leu Val Ser Trp Glu Glu Gln Gly Gly Glu Arg Arg

165 170 175

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

180 185 190

Arg Ala Leu Lys His Phe Gly Val Ala Ala Ile Glu Arg Leu Gln Thr

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

Leu Gln Ala Val Pro Pro Gly Ala Arg Ile Leu Leu Val Gly Asp Ser
 450 455 460

Asp Gln Leu Pro Pro Val Asp Ala Gly Leu Pro Leu Ala Ala Leu Thr
 465 470 475 480

Ala Ala Ala Pro Thr Val Arg Leu Ser Arg Val Tyr Arg Gln Ala Met
 485 490 495

Asp Asn Pro Ile Ile Gly Ala Ala His Ala Ile Met His Ala Gln Ala
 500 505 510

Pro Thr Phe Gly Asp Pro Arg Leu Gln Phe His Ala Val Glu Thr Asp
 515 520 525

Thr Gly Ala Arg Arg Val Ala Leu Leu Val Arg Glu Leu Gly Gly Pro
 530 535 540

Gly Lys Val Gln Val Leu Thr Pro Met Arg Lys Gly Pro Leu Gly Met
 545 550 555 560

Asp Thr Leu Asn Thr His Leu Gln Thr Leu Phe Asn Pro Gly Asp Gly
 565 570 575

Gly Val Arg Ile Gly Asp Thr His Ala Arg Pro Gly Asp Leu Val Val
 580 585 590

Gln Thr Lys Asn Asp Tyr Gln Asn Glu Ile Phe Asn Gly Thr Val Gly
 595 600 605

Thr Val Leu Asp Met Glu Gly Asn Thr Leu Thr Ile Asp Phe Asp Ser
 610 615 620

Asn Val Val Thr Leu Ser Gly Ala Glu Leu Trp Asn Leu Asn Leu Ala
 625 630 635 640

Tyr Ala Leu Thr Val His Arg Gly Gln Gly Ser Glu Trp Pro Thr Val
 645 650 655

Leu Gly Val Leu His Glu Ala His Gly Pro Met Leu Asn Arg Asn Leu
 660 665 670

Ala Tyr Thr Ala Leu Thr Arg Ala Arg Glu Arg Phe Ile Gly Val Gly
 675 680 685

Ser Glu Ser Ala Trp Arg Ala Ala Ala Thr Arg Ala Arg Asp Ala Arg

690 695 700
His Thr His Leu Leu Glu Arg Ile Gln Ala Lys
705 710 715
<210> 45
<211> 10
<212> PRT
<213> Artificial sequence
<220><223> RecD-like motif V of RecD2 Dma
<400> 45
Tyr Ala Leu Thr Val His Arg Gly Gln Gly
1 5 10
<210> 46
<211> 13
<212> PRT
<213> Artificial sequence
<220><223> MobF motif III
<220><221> MISC_FEATURE
<222> (2)..(3)
<223> Xaa = any amino acid
<220><221> MISC_FEATURE
<222> (4)..(4)
<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K
<220><221> MISC_FEATURE
<222> (6)..(10)
<223> Xaa = any amino acid
<220><221> MISC_FEATURE
<222> (12)..(12)
<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K
<400> 46
His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa His
1 5 10
<210> 47
<211> 14

<212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> MobF motif III
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(3)
 <223> Xaa = any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K
 <220><221> MISC_FEATURE
 <
 222> (6)..(11)
 <223> Xaa = any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (13)..(13)
 <223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K
 <400> 47
 His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa His
 1 5 10
 <210> 48
 <211> 15
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> MobF motif III
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (2)..(3)
 <223> Xaa = any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (4)..(4)
 <223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

 <220><221> MISC_FEATURE
 <222> (6)..(12)
 <223> Xaa = any amino acid
 <220><221> MISC_FEATURE

<222> (14)..(14)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<400> 48

His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa His

1 5 10 15

<210> 49

<211> 16

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(3)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222>

(4)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(13)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (15)..(15)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<400> 49

His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa His

1 5 10 15

<210> 50

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(3)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (4)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(14)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (16)..(16)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<400> 50

His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa

1 5 10 15

His

<210> 51

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(3)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (4)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(15)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (17)..(17)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<400> 51

His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His

1 5 10 15

Xaa His

<210> 52

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(3)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (4)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(16)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (18)..(18)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<400> 52

His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

His Xaa His

<210> 53

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(3)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (4)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, R and K

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(17)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (19)..(19)

<223> Xaa = any amino acid

<400> 53

His Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa His Xaa His

20

<210> 54

<211> 17

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = D or E

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (10)..(15)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (17)..(17)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<400> 54

Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His

1 5 10 15

Xaa

<210> 55

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = D or E

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (10)..(16)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (18)..(18)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<400> 55

Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

His Xaa

<210> 56

<211> 19

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = D or E

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (10)..(17)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (19)..(19)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<400> 56

Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1	5	10	15
---	---	----	----

Xaa His Xaa

<210> 57

<211> 20

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = D or E

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (10)..(18)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (20)..(20)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<400> 57

Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa His Xaa

20

<210> 58

<211> 21

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = D or E

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (10)..(19)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (21)..(21)

<223> Xaa = any amino acid

<400> 58

Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa His Xaa

20

<210> 59

<211> 22

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = D or E

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (10)..(20)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (22)..(22)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<400> 59

Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa

20

<210> 60

<211> 23

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (2)..(4)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (5)..(5)

<223> Xaa = D or E

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (6)..(8)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (10)..(21)

<223> Xaa = any amino acid

<220><221> MISC_FEATURE

<222> (23)..(23)

<223> Xaa = any amino acid except D, E, K and R

<400> 60

Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa

20

<210> 61

<211> 1756

<212> PRT

<213> Escherichia coli

<400> 61

Met Met Ser Ile Ala Gln Val Arg Ser Ala Gly Ser Ala Gly Asn Tyr

1 5 10 15

Tyr Thr Asp Lys Asp Asn Tyr Tyr Val Leu Gly Ser Met Gly Glu Arg

20 25 30

Trp Ala Gly Lys Gly Ala Glu Gln Leu Gly Leu Gln Gly Ser Val Asp

35 40 45
 Lys Asp Val Phe Thr Arg Leu Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asp Gly Ala
 50 55 60
 Asp Leu Ser Arg Met Gln Asp Gly Ser Asn Lys His Arg Pro Gly Tyr

 65 70 75 80
 Asp Leu Thr Phe Ser Ala Pro Lys Ser Val Ser Met Met Ala Met Leu
 85 90 95
 Gly Gly Asp Lys Arg Leu Ile Asp Ala His Asn Gln Ala Val Asp Phe
 100 105 110
 Ala Val Arg Gln Val Glu Ala Leu Ala Ser Thr Arg Val Met Thr Asp
 115 120 125
 Gly Gln Ser Glu Thr Val Leu Thr Gly Asn Leu Val Met Ala Leu Phe

 130 135 140
 Asn His Asp Thr Ser Arg Asp Gln Glu Pro Gln Leu His Thr His Ala
 145 150 155 160
 Val Val Ala Asn Val Thr Gln His Asn Gly Glu Trp Lys Thr Leu Ser
 165 170 175
 Ser Asp Lys Val Gly Lys Thr Gly Phe Ile Glu Asn Val Tyr Ala Asn
 180 185 190
 Gln Ile Ala Phe Gly Arg Leu Tyr Arg Glu Lys Leu Lys Glu Gln Val

 195 200 205
 Glu Ala Leu Gly Tyr Glu Thr Glu Val Val Gly Lys His Gly Met Trp
 210 215 220
 Glu Met Pro Gly Val Pro Val Glu Ala Phe Ser Gly Arg Ser Gln Ala
 225 230 235 240
 Ile Arg Glu Ala Val Gly Glu Asp Ala Ser Leu Lys Ser Arg Asp Val
 245 250 255
 Ala Ala Leu Asp Thr Arg Lys Ser Lys Gln His Val Asp Pro Glu Ile

 260 265 270
 Arg Met Ala Glu Trp Met Gln Thr Leu Lys Glu Thr Gly Phe Asp Ile
 275 280 285

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

530 535 540
 Ser Ala Leu Met Ala Met Lys Asp Ala Gly Val Asn Thr Tyr Arg Trp
 545 550 555 560
 Gln Gly Gly Glu Gln Arg Pro Ala Thr Ile Ile Ser Glu Pro Asp Arg
 565 570 575
 Asn Val Arg Tyr Ala Arg Leu Ala Gly Asp Phe Ala Ala Ser Val Lys

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

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

705 710 715 720
 Thr Gly Lys Ile Pro Gly Leu Arg Val Ser Gly Gly Asp Arg Leu Gln
 725 730 735
 Val Ala Ser Val Ser Glu Asp Ala Met Thr Val Val Val Pro Gly Arg
 740 745 750
 Ala Glu Pro Ala Ser Leu Pro Val Ser Asp Ser Pro Phe Thr Ala Leu
 755 760 765
 Lys Leu Glu Asn Gly Trp Val Glu Thr Pro Gly His Ser Val Ser Asp

770 775 780

Ser Ala Thr Val Phe Ala Ser Val Thr Gln Met Ala Met Asp Asn Ala
 785 790 795 800
 Thr Leu Asn Gly Leu Ala Arg Ser Gly Arg Asp Val Arg Leu Tyr Ser
 805 810 815
 Ser Leu Asp Glu Thr Arg Thr Ala Glu Lys Leu Ala Arg His Pro Ser
 820 825 830
 Phe Thr Val Val Ser Glu Gln Ile Lys Ala Arg Ala Gly Glu Thr Leu

 835 840 845
 Leu Glu Thr Ala Ile Ser Leu Gln Lys Ala Gly Leu His Thr Pro Ala
 850 855 860
 Gln Gln Ala Ile His Leu Ala Leu Pro Val Leu Glu Ser Lys Asn Leu
 865 870 875 880
 Ala Phe Ser Met Val Asp Leu Leu Thr Glu Ala Lys Ser Phe Ala Ala
 885 890 895
 Glu Gly Thr Gly Phe Thr Glu Leu Gly Gly Glu Ile Asn Ala Gln Ile

 900 905 910
 Lys Arg Gly Asp Leu Leu Tyr Val Asp Val Ala Lys Gly Tyr Gly Thr
 915 920 925
 Gly Leu Leu Val Ser Arg Ala Ser Tyr Glu Ala Glu Lys Ser Ile Leu
 930 935 940
 Arg His Ile Leu Glu Gly Lys Glu Ala Val Thr Pro Leu Met Glu Arg
 945 950 955 960
 Val Pro Gly Glu Leu Met Glu Thr Leu Thr Ser Gly Gln Arg Ala Ala

 965 970 975
 Thr Arg Met Ile Leu Glu Thr Ser Asp Arg Phe Thr Val Val Gln Gly
 980 985 990
 Tyr Ala Gly Val Gly Lys Thr Thr Gln Phe Arg Ala Val Met Ser Ala
 995 1000 1005
 Val Asn Met Leu Pro Ala Ser Glu Arg Pro Arg Val Val Gly Leu
 1010 1015 1020
 Gly Pro Thr His Arg Ala Val Gly Glu Met Arg Ser Ala Gly Val

1025	1030	1035
Asp Ala Gln Thr Leu Ala Ser	Phe Leu His Asp Thr	Gln Leu Gln
1040	1045	1050
Gln Arg Ser Gly Glu Thr Pro	Asp Phe Ser Asn Thr	Leu Phe Leu
1055	1060	1065
Leu Asp Glu Ser Ser Met Val	Gly Asn Thr Glu Met	Ala Arg Ala
1070	1075	1080
Tyr Ala Leu Ile Ala Ala Gly	Gly Gly Arg Ala Val	Ala Ser Gly

1085	1090	1095
Asp Thr Asp Gln Leu Gln Ala	Ile Ala Pro Gly Gln	Ser Phe Arg
1100	1105	1110
Leu Gln Gln Thr Arg Ser Ala	Ala Asp Val Val Ile	Met Lys Glu
1115	1120	1125
Ile Val Arg Gln Thr Pro Glu	Leu Arg Glu Ala Val	Tyr Ser Leu
1130	1135	1140
Ile Asn Arg Asp Val Glu Arg	Ala Leu Ser Gly Leu	Glu Ser Val

1145	1150	1155
Lys Pro Ser Gln Val Pro Arg	Leu Glu Gly Ala Trp	Ala Pro Glu
1160	1165	1170
His Ser Val Thr Glu Phe Ser	His Ser Gln Glu Ala	Lys Leu Ala
1175	1180	1185
Glu Ala Gln Gln Lys Ala Met	Leu Lys Gly Glu Ala	Phe Pro Asp
1190	1195	1200
Ile Pro Met Thr Leu Tyr Glu	Ala Ile Val Arg Asp	Tyr Thr Gly

1205	1210	1215
Arg Thr Pro Glu Ala Arg Glu	Gln Thr Leu Ile Val	Thr His Leu
1220	1225	1230
Asn Glu Asp Arg Arg Val Leu	Asn Ser Met Ile His	Asp Ala Arg
1235	1240	1245
Glu Lys Ala Gly Glu Leu Gly	Lys Glu Gln Val Met	Val Pro Val
1250	1255	1260

Leu Asn Thr Ala Asn Ile Arg Asp Gly Glu Leu Arg Arg Leu Ser

1265 1270 1275

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

1280 1285 1290

Tyr His Arg Ile Ala Gly Ile Ser Lys Asp Asp Gly Leu Ile Thr

1295 1300 1305

Leu Gln Asp Ala Glu Gly Asn Thr Arg Leu Ile Ser Pro Arg Glu

1310 1315 1320

Ala Val Ala Glu Gly Val Thr Leu Tyr Thr Pro Asp Lys Ile Arg

1325 1330 1335

Val Gly Thr Gly Asp Arg Met Arg Phe Thr Lys Ser Asp Arg Glu

1340 1345 1350

Arg Gly Tyr Val Ala Asn Ser Val Trp Thr Val Thr Ala Val Ser

1355 1360 1365

Gly Asp Ser Val Thr Leu Ser Asp Gly Gln Gln Thr Arg Val Ile

1370 1375 1380

Arg Pro Gly Gln Glu Arg Ala Glu Gln His Ile Asp Leu Ala Tyr

1385 1390 1395

Ala Ile Thr Ala His Gly Ala Gln Gly Ala Ser Glu Thr Phe Ala

1400 1405 1410

Ile Ala Leu Glu Gly Thr Glu Gly Asn Arg Lys Leu Met Ala Gly

1415 1420 1425

Phe Glu Ser Ala Tyr Val Ala Leu Ser Arg Met Lys Gln His Val

1430 1435 1440

Gln Val Tyr Thr Asp Asn Arg Gln Gly Trp Thr Asp Ala Ile Asn

1445 1450 1455

Asn Ala Val Gln Lys Gly Thr Ala His Asp Val Leu Glu Pro Lys

1460 1465 1470

Pro Asp Arg Glu Val Met Asn Ala Gln Arg Leu Phe Ser Thr Ala

1475 1480 1485

Arg Glu Leu Arg Asp Val Ala Ala Gly Arg Ala Val Leu Arg Gln

1490 1495 1500
Ala Gly Leu Ala Gly Gly Asp Ser Pro Ala Arg Phe Ile Ala Pro

1505 1510 1515
Gly Arg Lys Tyr Pro Gln Pro Tyr Val Ala Leu Pro Ala Phe Asp

1520 1525 1530
Arg Asn Gly Lys Ser Ala Gly Ile Trp Leu Asn Pro Leu Thr Thr

1535 1540 1545
Asp Asp Gly Asn Gly Leu Arg Gly Phe Ser Gly Glu Gly Arg Val

1550 1555 1560
Lys Gly Ser Gly Asp Ala Gln Phe Val Ala Leu Gln Gly Ser Arg

1565 1570 1575
Asn Gly Glu Ser Leu Leu Ala Asp Asn Met Gln Asp Gly Val Arg

1580 1585 1590
Ile Ala Arg Asp Asn Pro Asp Ser Gly Val Val Val Arg Ile Ala

1595 1600 1605
Gly Glu Gly Arg Pro Trp Asn Pro Gly Ala Ile Thr Gly Gly Arg

1610 1615 1620
Val Trp Gly Asp Ile Pro Asp Asn Ser Val Gln Pro Gly Ala Gly

1625 1630 1635
Asn Gly Glu Pro Val Thr Ala Glu Val Leu Ala Gln Arg Gln Ala

1640 1645 1650
Glu Glu Ala Ile Arg Arg Glu Thr Glu Arg Arg Ala Asp Glu Ile

1655 1660 1665
Val Arg Lys Met Ala Glu Asn Lys Pro Asp Leu Pro Asp Gly Lys

1670 1675 1680
Thr Glu Leu Ala Val Arg Asp Ile Ala Gly Gln Glu Arg Asp Arg

1685 1690 1695
Ser Ala Ile Ser Glu Arg Glu Thr Ala Leu Pro Glu Ser Val Leu

1700 1705 1710
Arg Glu Ser Gln Arg Glu Arg Glu Ala Val Arg Glu Val Ala Arg

1715 1720 1725

Glu Asn Leu Leu Gln Glu Arg Leu Gln Gln Met Glu Arg Asp Met

1730

1735

1740

Val Arg Asp Leu Gln Lys Glu Lys Thr Leu Gly Gly Asp

1745

1750

1755

<210> 62

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TraI Eco

<400> 62

Gly Tyr Ala Gly Val Gly Lys Thr

1

5

<210> 63

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TraI Eco

<400> 63

Tyr Ala Ile Thr Ala His Gly Ala Gln Gly

1

5

10

<210> 64

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TraI Eco

<400> 64

His Asp Thr Ser Arg Asp Gln Glu Pro Gln Leu His Thr His

1

5

10

<210> 65

<211> 970

<212> PRT

<213> Citromicrobium bathyomarinum

<400> 65

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

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

Asp Glu Gly His Pro Val Ile Gly Leu Ala Ile Gln Asn Thr Leu Val
 500 505 510
 Gln Met Leu Glu Arg Asp Thr Gly Ile Gly Ser Gln Thr Leu Ala Arg
 515 520 525
 Phe Leu Gly Gly Trp Asn Lys Leu Leu Asp Asp Pro Gly Asn Val Ala
 530 535 540

 Leu Arg Ala Glu Ala Gln Ala Ser Leu Lys Asp His Val Leu Val Leu
 545 550 555 560
 Asp Glu Ala Ser Met Val Ser Asn Glu Asp Lys Glu Lys Leu Val Arg
 565 570 575
 Leu Ala Asn Leu Ala Gly Val His Arg Leu Val Leu Ile Gly Asp Arg
 580 585 590
 Lys Gln Leu Gly Ala Val Asp Ala Gly Lys Pro Phe Ala Leu Leu Gln
 595 600 605

 Arg Ala Gly Ile Ala Arg Ala Glu Met Ala Thr Asn Leu Arg Ala Arg
 610 615 620
 Asp Pro Val Val Arg Glu Ala Gln Ala Ala Ala Gln Ala Gly Asp Val
 625 630 635 640
 Arg Lys Ala Leu Arg His Leu Lys Ser His Thr Val Glu Ala Arg Gly
 645 650 655
 Asp Gly Ala Gln Val Ala Ala Glu Thr Trp Leu Ala Leu Asp Lys Glu
 660 665 670

 Thr Arg Ala Arg Thr Ser Ile Tyr Ala Ser Gly Arg Ala Ile Arg Ser
 675 680 685
 Ala Val Asn Ala Ala Val Gln Gln Gly Leu Leu Ala Ser Arg Glu Ile
 690 695 700
 Gly Pro Ala Lys Met Lys Leu Glu Val Leu Asp Arg Val Asn Thr Thr
 705 710 715 720
 Arg Glu Glu Leu Arg His Leu Pro Ala Tyr Arg Ala Gly Arg Val Leu
 725 730 735

 Glu Val Ser Arg Lys Gln Gln Ala Leu Gly Leu Phe Ile Gly Glu Tyr

740 745 750
 Arg Val Ile Gly Gln Asp Arg Lys Gly Lys Leu Val Glu Val Glu Asp
 755 760 765
 Lys Arg Gly Lys Arg Phe Arg Phe Asp Pro Ala Arg Ile Arg Ala Gly
 770 775 780
 Lys Gly Asp Asp Asn Leu Thr Leu Leu Glu Pro Arg Lys Leu Glu Ile
 785 790 795 800

His Glu Gly Asp Arg Ile Arg Trp Thr Arg Asn Asp His Arg Arg Gly
 805 810 815
 Leu Phe Asn Ala Asp Gln Ala Arg Val Val Glu Ile Ala Asn Gly Lys
 820 825 830
 Val Thr Phe Glu Thr Ser Lys Gly Asp Leu Val Glu Leu Lys Lys Asp
 835 840 845
 Asp Pro Met Leu Lys Arg Ile Asp Leu Ala Tyr Ala Leu Asn Val His
 850 855 860

Met Ala Gln Gly Leu Thr Ser Asp Arg Gly Ile Ala Val Met Asp Ser
 865 870 875 880
 Arg Glu Arg Asn Leu Ser Asn Gln Lys Thr Phe Leu Val Thr Val Thr
 885 890 895
 Arg Leu Arg Asp His Leu Thr Leu Val Val Asp Ser Ala Asp Lys Leu
 900 905 910
 Gly Ala Ala Val Ala Arg Asn Lys Gly Glu Lys Ala Ser Ala Ile Glu
 915 920 925

Val Thr Gly Ser Val Lys Pro Thr Ala Thr Lys Gly Ser Gly Val Asp
 930 935 940
 Gln Pro Lys Ser Val Glu Ala Asn Lys Ala Glu Lys Glu Leu Thr Arg
 945 950 955 960
 Ser Lys Ser Lys Thr Leu Asp Phe Gly Ile
 965 970

<210> 66
 <211> 8
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Cba

<400> 66

Gly Ile Ala Gly Ala Gly Lys Ser

1 5

<210> 67

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Cba

<400> 67

Tyr Ala Leu Asn Val His Met Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 68

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Cba

<400> 68

His Asp Thr Asn Arg Asn Gln Glu Pro Asn Leu His Phe His

1 5 10

<210> 69

<211> 943

<212> PRT

<213> Halothiobacillus neapolitanus c2

<400> 69

Met Leu Arg Ile Lys Asn Leu Lys Gly Asp Pro Ser Ala Ile Ile Asp

1 5 10 15

Tyr Ala Glu Asn Lys Lys Asn His Pro Asp Gln Lys Ser Gly Tyr Tyr

20 25 30

Asp Ala Lys Gly Ala Pro Ser Ala Trp Gly Gly Ala Leu Ala Ala Asp

35 40 45

Leu Gly Leu Ser Gly Ser Val Gln Ala Ala Asp Leu Lys Lys Leu Leu

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

Val Ser Val Thr Pro Pro Glu Ile Asp Leu Asp His Thr Phe Glu His
305 310 315 320

Leu Ser Glu Arg Ala Ser Val Ile Asn Lys Asp Ala Val Arg Leu Asp
325 330 335

Ala Leu Ile Asn His Met Ser Glu Gly Ala Thr Leu Ser Thr Val Asp
340 345 350

Lys Ala Ile Gln Gly Ala Ala Val Thr Gly Asp Val Phe Glu Ile Glu
355 360 365

Asp Gly Ile Lys Arg Lys Ile Ile Thr Arg Glu Thr Leu Lys Arg Glu
370 375 380

Gln Gln Ile Leu Leu Leu Ala Gln Gln Gly Arg Gly Val Asn Ser Val
385 390 395 400

Leu Ile Gly Val Gly Asp Thr Lys His Leu Ile Glu Asp Ala Glu Gln
405 410 415

Ala Gln Gly Phe Arg Phe Ser Glu Gly Gln Arg Arg Ala Ile Asn Leu
420 425 430

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

Ala Gly Lys Thr Thr Ala Met Lys Thr Val Ala Asp Leu Ala Lys Ser
450 455 460

Gln Gly Leu Thr Val Val Gly Ile Ala Pro Ser Ser Ala Ala Ala Asp
465 470 475 480

Glu Leu Lys Ser Ala Gly Ala Asp Asp Thr Met Thr Leu Ala Thr Phe
485 490 495

Asn Leu Lys Gly Glu Ala Ala Gly Pro Arg Leu Leu Ile Leu Asp Glu
500 505 510

Ala Gly Met Val Ser Ala Arg Asp Gly Glu Ala Leu Leu Lys Lys Leu
515 520 525

Gly Lys Glu Asp Arg Leu Ile Phe Val Gly Asp Pro Lys Gln Leu Ala
530 535 540

Ala Val Glu Ala Gly Ser Pro Phe Ala Gln Leu Met Arg Ser Gly Ala

545 550 555 560
 Ile Gln Tyr Ala Glu Ile Thr Glu Ile Asn Arg Gln Lys Asp Gln Lys
 565 570 575

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

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

 Val Ile Lys Thr Ala Gly Lys Gln Ala Glu Gln Ser Glu Val Val Ala
 705 710 715 720
 Val Asn Leu Asp Gln Asn Leu Ile Gln Val Lys Leu Ser Asp Gly Thr
 725 730 735
 Leu Lys Ser Ile Asp Ala Ser Arg Phe Asp Val Lys Lys Thr Gln Val
 740 745 750
 Phe Asn Pro Arg Gln Ile Asp Ile Ala Ala Gly Asp Lys Ile Ile Phe
 755 760 765

 Thr Asn Asn Asp Gln Ala Thr Glu Thr Lys Asn Asn Gln Ile Gly Leu
 770 775 780
 Ile Glu Glu Ile Lys Asp Gly Lys Ala Ile Ile Asn Ser Asn Gly Ala
 785 790 795 800

Lys Val Glu Ile Asp Ile Gln Arg Lys Leu His Ile Asp His Ala Tyr
805 810 815
Cys Ile Thr Ile His Arg Ser Gln Gly Gln Thr Val Asp Ser Val Ile
820 825 830

Val Ala Gly Glu Ala Ser Arg Thr Thr Thr Ala Glu Ala Ala Tyr Val
835 840 845
Ala Cys Thr Arg Glu Arg Tyr Lys Leu Glu Ile Ile Thr Asp Asn Thr
850 855 860
Glu Arg Leu Ser Lys Asn Trp Val Arg Tyr Ala Asp Arg Gln Thr Ala
865 870 875 880
Ala Glu Ala Leu Lys Ser Ser Glu Glu Lys Tyr Pro His Leu Asp Glu
885 890 895

Ile Arg Glu Glu Leu Arg Arg Glu Leu Gln Gln Glu Leu Glu Arg Gln
900 905 910
Glu Pro Thr Asn Ile Thr Pro Glu Leu Glu Ile Glu Met Glu Arg Ser
915 920 925
Met Phe Asp Gln Tyr Thr Leu His Ser Arg Gln Pro Arg Ser Tyr
930 935 940

<210> 70

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Hne

<400> 70

Gly Ala Ala Gly Ala Gly Lys Thr

1 5

<210> 71

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Hne

<400> 71

Tyr Cys Ile Thr Ile His Arg Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 72

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Hne

<400> 72

His Glu Asp Ala Arg Thr Val Asp Asp Ile Ala Asp Pro Gln Leu His

1 5 10 15

Thr His

<210> 73

<211> 960

<212> PRT

<213> Erythrobacter litoralis HTCC2594

<400> 73

Met Leu Ser Val Ala Asn Val Arg Ser Pro Thr Ala Ala Ala Ser Tyr

1 5 10 15

Phe Ala Ser Asp Asn Tyr Tyr Ala Ser Ala Asp Ala Asp Arg Ser Gly

20 25 30

Gln Trp Ile Gly Gly Gly Ala Lys Arg Leu Gly Leu Glu Gly Lys Val

35 40 45

Glu Ala Lys Ala Phe Asp Ala Leu Leu Arg Gly Glu Leu Pro Asp Gly

50 55 60

Ser Ser Val Gly Asn Pro Gly Gln Ala His Arg Pro Gly Thr Asp Leu

65 70 75 80

Ser Phe Ser Val Pro Lys Ser Trp Ser Leu Leu Ala Leu Val Gly Lys

85 90 95

Asp Glu Arg Ile Ile Ala Ala Tyr Arg Glu Ala Val Val Glu Ala Leu

100 105 110

Gln Trp Ala Glu Lys Asn Ala Ala Glu Thr Arg Ile Val Glu Lys Gly

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

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

370

375

380

Lys Arg Thr Arg Ala Leu Val Arg Ser Gly Asp Leu Ile Ser Gly Lys

385

390

395

400

Gly Glu His Lys Gly Trp Leu Ala Ser Arg Glu Ala Val Val Thr Glu

405

410

415

Gln Arg Ile Leu Ser Glu Val Ala Ala Gly Lys Gly Asn Ser Ser Pro

420

425

430

Ala Ile Glu Pro Gln Lys Ala Ala Ala Ser Val Gln Ala Ala Ala Ala

435

440

445

Thr Gly Gln Gly Phe Arg Leu Asn Glu Gly Gln Leu Ala Ala Ala Glu

450

455

460

Leu Ile Leu Thr Ser Lys Asp Arg Thr Ile Ala Ile Gln Gly Ile Ala

465

470

475

480

Gly Ala Gly Lys Ser Ser Val Leu Lys Pro Val Ala Glu Val Leu Arg

485

490

495

Asp Glu Gly His Pro Val Ile Gly Leu Ala Ile Gln Asn Thr Leu Val

500

505

510

Gln Met Leu Glu Arg Glu Thr Gly Ile Gly Ser Gln Thr Leu Ala Arg

515

520

525

Phe Leu Arg Gly Trp Thr Lys Leu Leu Gly Asp Pro Gly Asn Val Ala

530

535

540

Leu Arg Thr Glu Ala Gln Ala Ser Leu Lys Asp His Val Leu Val Leu

545

550

555

560

Asp Glu Ala Ser Met Val Ser Asn Glu Asp Lys Glu Lys Leu Val Arg

565

570

575

Leu Ala Asn Leu Ala Gly Val His Arg Leu Val Leu Ile Gly Asp Arg

580

585

590

Lys Gln Leu Gly Ala Val Asp Ala Gly Lys Pro Phe Ala Leu Leu Gln

595

600

605

Arg Ala Gly Ile Ala Arg Ala Glu Met Ala Thr Asn Leu Arg Ala Arg

610 615 620
 Asp Pro Val Val Arg Glu Ala Gln Ala Ser Ala Gln Ala Gly Asp Val

 625 630 635 640
 Arg Asn Ala Leu Arg His Leu Lys Ser His Thr Val Glu Ala Lys Gly

 645 650 655
 Asp Gly Ala Gln Val Ala Ala Glu Thr Trp Leu Ala Leu Asp Lys Glu

 660 665 670
 Thr Arg Ala Arg Thr Ser Ile Tyr Ala Ser Gly Arg Ala Ile Arg Ser

 675 680 685
 Ala Val Asn Ala Ala Val Gln Gln Gly Leu Leu Ala Asn Arg Glu Ile

 690 695 700
 Gly Pro Gly Met Met Lys Leu Asp Val Leu Asp Arg Val Asn Ala Thr
 705 710 715 720
 Arg Glu Glu Leu Arg His Leu Pro Ala Tyr Arg Ala Gly Gln Val Leu

 725 730 735
 Glu Ile Ser Arg Lys Gln Gln Ala Leu Gly Leu Ser Val Gly Glu Tyr

 740 745 750
 Arg Val Leu Gly Gln Asp Arg Lys Gly Arg Leu Val Glu Val Glu Asp

 755 760 765
 Lys Arg Gly Lys Arg Phe Arg Phe Asp Pro Ala Arg Ile Lys Ala Gly

 770 775 780
 Lys Gly Asp Glu Asn Leu Thr Leu Leu Glu Pro Arg Lys Leu Glu Ile
 785 790 795 800
 His Glu Gly Asp Arg Ile Arg Trp Thr Arg Asn Asp His Arg Arg Gly

 805 810 815
 Leu Phe Asn Ala Asp Gln Ala Arg Val Val Ala Ile Ala Gly Gly Lys

 820 825 830
 Ile Thr Phe Glu Thr Ser Gln Gly Asp Gln Val Glu Leu Lys Arg Asp

 835 840 845
 Asp Pro Met Leu Lys Arg Ile Asp Leu Ala Tyr Ala Leu Asn Ala His

 850 855 860

Met Ala Gln Gly Leu Thr Ser Asp Arg Gly Ile Ala Val Met Thr Ser
865 870 875 880
Ser Glu Arg Asn Leu Ser Asn Gln Lys Thr Phe Met Val Thr Val Thr
885 890 895
Arg Leu Arg Asp His Leu Thr Leu Val Val Asp Asn Ala Glu Lys Leu
900 905 910
Gly Ala Ala Val Ala Arg Asn Lys Gly Glu Lys Ala Ser Ala Leu Glu
915 920 925
Val Thr Gly Ser Val Lys Ser Thr Ala Ala Lys Gly Ser Gly Val Asp
930 935 940
Gln Leu Lys Pro Glu Glu Ala Asn Lys Ala Glu Lys Glu Leu Thr Arg
945 950 955 960
<210> 74
<211> 966
<212> PRT
<213> Escherichia coli
<400> 74
Met Leu Ser His Met Val Leu Thr Arg Gln Asp Ile Gly Arg Ala Ala
1 5 10 15
Ser Tyr Tyr Glu Asp Gly Ala Asp Asp Tyr Tyr Ala Lys Asp Gly Asp
20 25 30
Ala Ser Glu Trp Gln Gly Lys Gly Ala Glu Glu Leu Gly Leu Ser Gly
35 40 45
Glu Val Asp Ser Lys Arg Phe Arg Glu Leu Leu Ala Gly Asn Ile Gly
50 55 60
Glu Gly His Arg Ile Met Arg Ser Ala Thr Arg Gln Asp Ser Lys Glu
65 70 75 80
Arg Ile Gly Leu Asp Leu Thr Phe Ser Ala Pro Lys Ser Val Ser Leu
85 90 95
Gln Ala Leu Val Ala Gly Asp Ala Glu Ile Ile Lys Ala His Asp Arg
100 105 110

Ala Val Ala Arg Thr Leu Glu Gln Ala Glu Ala Arg Ala Gln Ala Arg
115 120 125

Gln Lys Ile Gln Gly Lys Thr Arg Ile Glu Thr Thr Gly Asn Leu Val
130 135 140

Ile Gly Lys Phe Arg His Glu Thr Ser Arg Glu Arg Asp Pro Gln Leu
145 150 155 160

His Thr His Ala Val Ile Leu Asn Met Thr Lys Arg Ser Asp Gly Gln
165 170 175

Trp Arg Ala Leu Lys Asn Asp Glu Ile Val Lys Ala Thr Arg Tyr Leu
180 185 190

Gly Ala Val Tyr Asn Ala Glu Leu Ala His Glu Leu Gln Lys Leu Gly
195 200 205

Tyr Gln Leu Arg Tyr Gly Lys Asp Gly Asn Phe Asp Leu Ala His Ile
210 215 220

Asp Arg Gln Gln Ile Glu Gly Phe Ser Lys Arg Thr Glu Gln Ile Ala
225 230 235 240

Glu Trp Tyr Ala Ala Arg Gly Leu Asp Pro Asn Ser Val Ser Leu Glu
245 250 255

Gln Lys Gln Ala Ala Lys Val Leu Ser Arg Ala Lys Lys Thr Ser Val
260 265 270

Asp Arg Glu Ala Leu Arg Ala Glu Trp Gln Ala Thr Ala Lys Glu Leu
275 280 285

Gly Ile Asp Phe Ser Arg Arg Glu Trp Ser Gly Arg Glu Lys Gly Gly
290 295 300

Ser Glu Lys Gln Ala His Ser Phe Met Pro Ser Asp Glu Ala Ala Lys
305 310 315 320

Arg Ala Val Arg Tyr Ala Ile Asn His Leu Thr Glu Arg Gln Ser Val
325 330 335

Met Asp Glu Arg Glu Leu Val Asp Thr Ala Met Lys His Ala Val Gly
340 345 350

Ala Ala Arg Leu Glu Asp Ile Gln Lys Glu Leu Leu Arg Gln Thr Glu

355	360	365
Thr Gly Tyr Leu Ile Arg Glu Ala Pro Arg Tyr Arg Pro Gly Gly Gln		
370	375	380
Thr Gly Pro Thr Asp Glu Pro Gly Lys Thr Arg Ala Glu Trp Val Ala		
385	390	395
Glu Leu Ala Ala Lys Gly Met Lys Gln Gly Ala Ala Arg Glu Arg Val		
405	410	415
Asp Asn Ala Ile Lys Thr Gly Gly Leu Val Pro Ile Glu Pro Arg Tyr		
420	425	430
Thr Thr Gln Thr Ala Leu Glu Arg Glu Lys Arg Ile Leu Gln Ile Glu		
435	440	445
Arg Asp Gly Arg Gly Ala Val Ala Pro Val Ile Ala Ala Glu Ala Ala		
450	455	460
Arg Glu Arg Leu Ala Ser Thr Asn Leu Asn Gln Gly Gln Arg Glu Ala		
465	470	475
Ala Glu Leu Ile Val Ser Ala Ala Asn Arg Val Val Gly Val Gln Gly		
485	490	495
Phe Ala Gly Thr Gly Lys Ser His Met Leu Asp Thr Ala Lys Gln Met		
500	505	510
Ile Glu Gly Glu Gly Tyr His Val Arg Ala Leu Ala Ala Tyr Gly Ser		
515	520	525
Gln Val Lys Ala Leu Arg Glu Leu Asn Val Glu Ala Asn Thr Leu Ala		
530	535	540
Ser Phe Leu Arg Ala Lys Asp Lys Asn Ile Asp Ser Arg Thr Val Leu		
545	550	555
Val Ile Asp Glu Ala Gly Val Val Pro Thr Arg Leu Met Glu Gln Thr		
565	570	575
Leu Lys Leu Ala Glu Lys Ala Gly Ala Arg Val Val Leu Met Gly Asp		
580	585	590
Thr Ala Gln Thr Lys Ala Ile Glu Ala Gly Arg Pro Phe Asp Gln Leu		
595	600	605

Gln Ala Ala Gly Met Gln Thr Ala His Met Arg Glu Ile Gln Arg Gln
610 615 620

Lys Asn Pro Glu Leu Lys Ile Ala Val Glu Leu Ala Ala Ala Gly Lys
625 630 635 640

Ala Ser Ser Ser Leu Glu Arg Ile Lys Asp Val Thr Glu Ile Lys Asn
645 650 655

His His Glu Arg Arg Ala Ala Val Ala Glu Ala Tyr Ile Ala Leu Lys
660 665 670

Pro Asp Glu Arg Asp Arg Thr Leu Ile Val Ser Gly Thr Asn Glu Ala
675 680 685

Arg Arg Glu Ile Asn Gln Ile Val Arg Glu Gly Leu Gly Thr Ala Gly
690 695 700

Lys Gly Ile Glu Phe Asp Thr Leu Val Arg Val Asp Thr Thr Gln Ala
705 710 715 720

Glu Arg Arg His Ser Lys Asn Tyr Gln Val Gly His Val Ile Gln Pro
725 730 735

Glu Arg Asp Tyr Ala Lys Thr Gly Leu Gln Arg Gly Glu Leu Tyr Arg
740 745 750

Val Val Glu Thr Gly Pro Gly Asn Arg Leu Thr Val Ile Gly Glu His
755 760 765

Asp Gly Gln Arg Ile Gln Phe Ser Pro Met Thr His Thr Lys Ile Ser
770 775 780

Val Tyr Gln Pro Glu Arg Ala Glu Leu Ala Val Gly Asp Thr Ile Arg
785 790 795 800

Ile Thr Arg Asn Asp Lys His Leu Asp Leu Ala Asn Gly Asp Arg Met
805 810 815

Lys Val Val Ala Val Glu Asp Arg Lys Val Thr Val Thr Asp Gly Lys
820 825 830

Arg Asn Val Glu Leu Pro Thr Asp Lys Pro Leu His Val Asp His Ala
835 840 845

Tyr Ala Thr Thr Val His Ser Ser Gln Gly Leu Thr Ser Asp Arg Val

850 855 860
 Leu Ile Asp Ala His Ala Glu Ser Arg Thr Thr Ala Lys Asp Val Tyr
 865 870 875 880

Tyr Val Ala Ile Ser Arg Ala Arg Phe Glu Ala Arg Val Phe Thr Asn
 885 890 895
 Asp Arg Gly Lys Leu Pro Ala Ala Ile Ala Arg Glu Asn Ile Lys Ser
 900 905 910
 Ala Ala His Asp Leu Ala Arg Asp Arg Gly Gly Arg Ser Ala Ala Ala
 915 920 925
 Glu Arg Gln Arg Glu Gln Gln Arg Glu Ala Glu Arg Asn Arg Gln Thr
 930 935 940

Gln Gln Pro Ala His Asp Arg Gln Lys Ala Ala Arg Glu Ala Glu Arg
 945 950 955 960
 Gly Met Glu Ala Gly Arg
 965

<210> 75

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Eco

<400> 75

Gly Phe Ala Gly Thr Gly Lys Ser

1 5

<210> 76

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Eco

<400> 76

Tyr Ala Thr Thr Val His Ser Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 77

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Eco

<400> 77

His Glu Thr Ser Arg Glu Arg Asp Pro Gln Leu His Thr His

1 5 10

<210> 78

<211> 1101

<212> PRT

<213> Agrobacterium tumefaciens C58

<400> 78

Met Ala Ile Ala His Phe Ser Ala Ser Ile Val Ser Arg Gly Asp Gly

1 5 10 15

Arg Ser Val Val Leu Ser Ala Ala Tyr Gln His Cys Ala Lys Met Glu

20 25 30

Tyr Glu Arg Glu Ala Arg Thr Ile Asp Tyr Thr Arg Lys Gln Gly Leu

35 40 45

Val His Gln Glu Phe Ile Leu Pro Ala Asp Ala Pro Lys Trp Val Arg

50 55 60

Ala Leu Ile Ala Asp Cys Ser Val Ala Gly Ala Ser Glu Ala Phe Trp

65 70 75 80

Asn Lys Val Glu Ala Phe Glu Lys Arg Ser Asp Ala Gln Leu Ala Arg

85 90 95

Asp Leu Thr Ile Ala Leu Pro Arg Glu Leu Thr Ser Glu Gln Asn Ile

100 105 110

Ala Leu Val Arg Asp Phe Val Glu Lys His Ile Leu Gly Lys Gly Met

115 120 125

Val Ala Asp Trp Val Tyr His Asp Asn Pro Gly Asn Pro His Ile His

130 135 140

Leu Met Thr Thr Leu Arg Pro Leu Thr Glu Asp Gly Phe Gly Ala Lys

145 150 155 160

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

405 410 415
 Ala Ala Arg Glu Ala Trp Glu Leu Ala Gly Tyr Arg Val Val Gly Gly
 420 425 430
 Ala Leu Ala Gly Lys Ala Ser Glu Gly Leu Asp Lys Glu Ala Gly Ile
 435 440 445
 Glu Ser Arg Thr Leu Ser Ser Trp Glu Leu Arg Trp Asn Arg Gly Arg
 450 455 460
 Asp Val Leu Asp Asn Lys Thr Val Phe Val Met Asp Glu Ala Gly Met

 465 470 475 480
 Val Ala Ser Lys Gln Met Ala Gly Phe Val Asp Ala Val Val Arg Ala
 485 490 495
 Gly Ala Lys Ile Val Leu Val Gly Asp Pro Glu Gln Leu Gln Pro Ile
 500 505 510
 Glu Ala Gly Ala Ala Phe Arg Ala Ile Val Asp Arg Ile Gly Tyr Ala
 515 520 525
 Glu Leu Glu Thr Ile Tyr Arg Gln Arg Glu Asp Trp Met Arg Lys Ala

 530 535 540
 Ser Leu Asp Leu Ala Arg Gly Asn Val Glu Lys Ala Leu Ala Leu Tyr
 545 550 555 560
 Asn Ala Asn Ala Arg Ile Val Gly Glu Arg Leu Lys Ala Glu Ala Val
 565 570 575
 Glu Arg Leu Ile Ala Asp Trp Asn Arg Asp Tyr Asp Gln Thr Lys Thr
 580 585 590
 Thr Leu Ile Leu Ala His Leu Arg Arg Asp Val Arg Met Leu Asn Val

 595 600 605
 Met Ala Arg Glu Lys Leu Val Glu Arg Gly Ile Val Gly Glu Gly His
 610 615 620
 Val Phe Arg Thr Ala Asp Gly Glu Arg Arg Phe His Ala Gly Asp Gln
 625 630 635 640
 Ile Val Phe Leu Lys Asn Glu Thr Leu Leu Gly Val Lys Asn Gly Met
 645 650 655

Ile Gly His Val Val Glu Ala Val Pro Asn Arg Ile Val Ala Val Val

660 665 670
Gly Asp Arg Asp His Arg Arg His Val Val Val Glu Gln Arg Phe Tyr

675 680 685
Ser Asn Leu Asp His Gly Tyr Ala Thr Thr Ile His Lys Ser Gln Gly

690 695 700
Ala Thr Val Asp Arg Val Lys Val Leu Ala Ser Leu Ser Leu Asp Arg

705 710 715 720
His Leu Thr Tyr Val Ala Met Thr Arg His Arg Glu Asp Leu Gln Leu

725 730 735
Tyr Tyr Gly Cys Arg Ser Phe Ala Phe Asn Gly Gly Leu Ala Lys Val

740 745 750
Leu Ser Arg Lys Asn Ala Lys Glu Thr Thr Leu Asp Tyr Glu Arg Gly

755 760 765
Lys Leu Tyr Arg Glu Ala Leu Arg Phe Ala Glu Asn Arg Gly Leu His

770 775 780
Ile Met Gln Val Ala Arg Thr Met Leu Arg Asp Arg Leu Asp Trp Thr

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

805 810 815
Leu Gly Glu Arg Leu Gly Leu Asp Gln Ser Pro Lys Thr Gln Thr Met

820 825 830
Lys Glu Ala Ala Pro Met Val Thr Gly Ile Lys Thr Phe Ser Gly Ser

835 840 845
Val Ala Asp Thr Val Gly Asp Lys Leu Gly Ala Asp Pro Thr Leu Lys

850 855 860
Gln Gln Trp Glu Glu Val Ser Ala Arg Phe Arg Tyr Val Phe Ala Asp

865 870 875 880
Pro Glu Thr Ala Phe Arg Ala Val Asn Phe Asp Thr Val Leu Ala Asp

885 890 895
Lys Glu Ala Ala Lys Ala Val Leu Gln Lys Leu Glu Ala Glu Pro Ala

900 905 910
 Ser Ile Gly Ala Leu Lys Gly Lys Thr Gly Ile Leu Ala Ser Lys Thr

 915 920 925
 Glu Arg Glu Ala Arg Arg Val Ala Glu Val Asn Val Pro Ala Leu Lys
 930 935 940
 Arg Asp Leu Glu Gln Tyr Leu Arg Met Arg Glu Thr Ala Thr Leu Arg
 945 950 955 960
 Ile Val Thr Glu Glu Gln Ala Leu Arg Gln Arg Val Ser Ile Asp Ile
 965 970 975
 Pro Ala Leu Ser Pro Ala Ala Arg Val Val Leu Glu Arg Val Arg Asp

 980 985 990
 Ala Ile Asp Arg Asn Asp Leu Pro Ala Ala Leu Gly Tyr Ala Leu Ser
 995 1000 1005
 Asn Arg Glu Thr Lys Leu Glu Ile Asp Gly Phe Asn Gln Ala Val
 1010 1015 1020
 Thr Glu Arg Phe Gly Glu Arg Thr Leu Leu Ser Asn Val Ala Arg
 1025 1030 1035
 Glu Pro Ser Gly Lys Leu Tyr Glu Lys Leu Ser Asp Gly Met Arg

 1040 1045 1050
 Pro Glu Gln Lys Glu Gln Leu Lys Gln Ala Trp Pro Ile Met Arg
 1055 1060 1065
 Thr Ala Gln Gln Leu Ala Ala His Glu Arg Thr Val Gln Ser Leu
 1070 1075 1080
 Lys Gln Ala Glu Glu Leu Arg Gln Thr Leu Arg Gln Ala Pro Val
 1085 1090 1095
 Leu Lys Gln
 1100
 <210> 79
 <211> 8

 <212> PRT
 <213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TraA Atu

<400> 79

Gly Arg Ala Gly Ala Gly Lys Thr

1 5

<210> 80

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TraA Atu

<400> 80

Tyr Ala Thr Thr Ile His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 81

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III of TraA Atu

<400> 81

Gly Met Val Ala Asp Trp Val Tyr His Asp Asn Pro Gly Asn Pro His

1 5 10 15

Ile His

<210> 82

<211> 878

<212> PRT

<213> Sulfolobus acidophilus TPY

<400> 82

Met Ser Ala Thr Asp Arg Glu Ile Asp Pro Ser Thr Gly Ala Val Arg

1 5 10 15

Tyr Phe Ala Glu Ser Gly Glu Pro Pro Gly Arg Trp Arg Gly His Ala

20 25 30

Ala Ser Leu Gly Arg Pro Gly Gly Asp Ile Val Lys Ala Gly Glu Leu

35 40 45

Glu Arg Leu Leu Asn Gly Gln His Pro Glu Ser Gly Glu Ser Leu Val
 50 55 60
 Gln Thr Gln Ala Gly Lys Ser His Arg Pro Gly Trp Asp Leu Thr Phe
 65 70 75 80
 Ser Ser Pro Lys Ser Val Ser Ala Val Trp Ala Ala Ala Asp Pro Glu
 85 90 95
 Leu Arg Ala Ala Ile Glu Arg Ala His Glu Ala Ala Val Gln Ala Ala
 100 105 110

 Phe Asp Tyr Leu Gln Ala Asn Ala Ala Tyr Thr Arg Arg Gly Lys Gly
 115 120 125
 Gly Thr Glu Leu Glu Arg Val Gln Leu Ile Gly Ile Glu Tyr Gln His
 130 135 140
 Ser Thr Ser Arg Ala Gln Asp Pro His Leu His Ser His Leu Leu Ile
 145 150 155 160
 Ala Asn Val Ala Gln Arg Ser Asp Gly Thr Trp Gly Thr Leu Glu Ser
 165 170 175

 Arg Pro Met Phe Gln His Arg Met Ala Ala Gly Ser Leu Tyr Gln Ser
 180 185 190
 Glu Leu Ala Ala Arg Leu Arg Asp Met Gly Phe Glu Ile Val Lys Gly
 195 200 205
 Arg Gly Gly Thr Phe Glu Ile Asp Gly Val Pro Gly Asp Leu Lys Lys
 210 215 220
 Leu Trp Ser Gly Arg His Glu Gln Met Glu Ala Asn Gly Ala Thr Gly
 225 230 235 240

 Gln Ser Arg Glu Ala Glu Arg Ala Phe Leu Glu Gly Arg Pro Glu Lys
 245 250 255
 Gly Lys Ile His Arg Pro Ser Leu Phe Ala Lys Trp Gly Ala Glu Ala
 260 265 270
 Ala Ala His Gly Leu Asp Pro Val Lys Ile Arg Thr Glu Leu Met Arg
 275 280 285
 Gly Arg Ile Gln Ser Ala Glu Pro Leu Glu Trp Ala Gln Ile Arg Glu

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

Ile Thr Leu Asp Glu Arg Thr Ile Val Ile Val Asp Glu Ala Gly Met
545 550 555 560

Val Asp Thr Pro Gln Leu Ala Gln Leu Ile Glu His Val Glu Arg Ser
565 570 575

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

Gly Ala Gly Gly Gly Phe Gln Ala Ala Arg Gln Ile Thr Arg Gln Val
595 600 605

Gly Gly Asp Ala Glu Leu Thr Glu Val Arg Arg Gln Lys Val Ala Trp
610 615 620

Gln Arg Glu Ala Ala Glu Gln Ile Ser Leu Gly Gln Ala Arg Glu Ala
625 630 635 640

Leu Gln Met Tyr Glu Arg Glu Gly Arg Leu His Thr Ala Asp Gly Pro
645 650 655

Glu Glu Ala Ala Arg Glu Leu Val Gln Asp Trp Ile Arg Asp Arg Leu
660 665 670

Gln Asp Lys Ala Ala Ser Gln Leu Ile Ile Ala Ser Ser His Ala Gln
675 680 685

Gly Ala Val Leu Asn His Leu Ala Gln Glu Thr Leu Arg Ser His Gly
690 695 700

Met Leu Gly Pro Leu Val Ala Glu Gly Leu Ser Thr Ala Arg Gln Gly
705 710 715 720

Lys His Asp Leu Tyr Val Gly Asp Glu Ile Arg Phe Ile Lys Asn Ala
725 730 735

Lys Lys Gln Gly Trp Ile Asn Gly Asp Arg Gly Thr Val Ile Gly Met
740 745 750

Gly Pro Ala Gly Gln Ile Arg Val Arg Leu Glu Glu Ser Gly Gln Val
755 760 765

Val Glu Phe Asp Pro Arg Gln Tyr Arg His Trp Gln Leu Ala Tyr Ala
770 775 780

Ser Thr Ala His Lys Ser Gln Gly Ser Thr Val Asp Arg Ala Tyr Tyr

785 790 795 800
 Leu Leu Ser Ser Gly Asp His Arg Glu Leu Gly Tyr Val Ala Ala Ser
 805 810 815

Arg His Lys Gln Asp Leu Arg Leu Tyr Val Asp Gln Ser Val Tyr Glu
 820 825 830
 Ala Lys Ser Asp Arg Asp Gln Leu Ile Gln Glu Ile Ala Arg Ser Leu
 835 840 845
 Ala Lys Ser Asp Arg Lys Glu Ile Ala Leu Ser Leu Ala Ala Lys Ala
 850 855 860
 Gly Ser Asp Arg Val Gln Asp His Asp Thr Gly His Ser Arg
 865 870 875

<210> 83

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Sac

<400> 83

Gly Ala Ala Gly Thr Gly Lys Thr

1 5

<210> 84

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Sac

<400> 84

Tyr Ala Ser Thr Ala His Lys Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 85

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Sac

<400> 85

His Ser Thr Ser Arg Ala Gln Asp Pro His Leu His Ser His

1 5 10

<210> 86

<211> 909

<212> PRT

<213> Acidithiobacillus ferrivorans SS3

<400> 86

Met Leu Ser Ile His Ala Lys Lys Gly Ser Thr Ala Glu His Val Ala

1 5 10 15

Gln Val Ala Asp Tyr Pro Asp Glu Gln Pro Glu Gln Arg Pro Glu Gln

20 25 30

Gln Ser Arg Pro Ala Asn Gly Thr Gly Ala Ile Glu Asp Tyr Tyr Ser

35 40 45

Gln Ser Asn Gly Gly Thr Pro Ser Ile Trp Val Gly Ala Gly Ala Glu

50 55 60

Ala Ile Gly Leu Ala Gly Gln Ala Val Glu Arg Glu Thr Met Thr Arg

65 70 75 80

Leu Leu Gln Gly Leu His Pro Asp Asp Gly Arg Ala Leu Val Asp Lys

85 90 95

Ala Gly Pro Gln Arg Arg Tyr Gly Tyr Asp Leu Thr Phe Ser Ala Pro

100 105 110

Lys Ser Val Ser Ile Val Trp Ala Val Ala Asp Arg Asp Leu Arg Glu

115 120 125

Ala Ile Ala Thr Ala His Asp Ala Ala Val Ala Gln Ala Leu Arg His

130 135 140

Ile Glu Thr His Leu Pro Val Ala Arg Arg Gly His Ala Gly Glu Glu

145 150 155 160

Arg Glu Leu Ala His Leu Ile Thr Gly Val Tyr Arg His Ala Ser Ser

165 170 175

Arg Glu Gln Asp Pro Gln Ile His Ser His Ala Leu Leu Met Asn Leu

180 185 190
 Ala Gln Arg Leu Asp Gly Thr Trp Gly Ala Ile Glu Ser Trp Glu Ile
 195 200 205
 Tyr Arg His Lys Met Ala Leu Gly Ala Leu Tyr Arg Thr Val Leu Ala
 210 215 220
 Gln Arg Leu Gln Glu Met Gly Phe Gly Ile Glu Arg Asp Gly Asp Ser

 225 230 235 240
 Phe Arg Ile Leu Gly Val Ser Glu Asp Ala Glu Arg Glu Phe Ser Arg
 245 250 255
 Arg Arg Gln Gln Ile Glu Thr Leu Leu Leu Glu Arg Gly Arg Ser Asn
 260 265 270
 Ala Glu Ala Ala Ala Leu Ala Thr Leu Asp Thr Arg Arg Arg Lys Glu
 275 280 285
 Val Ile Asp Arg Ala Ile Leu Ala Ala Asp Trp Arg Glu Arg Ala Ala

 290 295 300
 His Tyr Gly Leu Ser Ala Lys Thr Val Gln Ala Leu Arg Gln Gly Leu
 305 310 315 320
 Leu Ala Ala Ser Tyr Asp Arg Ala Ala Val Leu Arg Asp Leu Thr Ala
 325 330 335
 His Asp Ser Thr Phe Glu Glu Arg His Ile Trp His Arg Val Ala Val
 340 345 350
 Ala Ala Gln Ala Cys Gly Met Gly Tyr Asp Glu Ile Arg Ala Glu Val

 355 360 365
 Ala Gln Leu Arg Arg Asp Thr Glu Ile Val Pro Leu Gln Ala Phe Gly
 370 375 380
 Pro Ala Arg Phe Thr Thr Arg Glu Met Gln Ser Ile Glu Gln Gln Met
 385 390 395 400
 Val Thr Asp Ala Gln Ala Leu Ala Ala Val Asp Trp His Leu Val Asp
 405 410 415
 Gly Ala Thr Val Arg Arg Ala Ile Glu Glu Ala Asp Arg Glu Ala Glu

 420 425 430

Gln Lys Gly Phe Ser Leu Ser Glu Glu Gln Arg Arg Ala Ile Trp His
435 440 445

Ile Thr His Arg Ile Gly Ala Leu Gln Met Ile Gln Gly His Ala Gly
450 455 460

Ala Gly Lys Thr Thr Met Leu Asp Ala Ala Arg Arg Ala Trp Glu Ala
465 470 475 480

Ala Gly Phe Arg Val His Gly Ala Ala Ile Ala Lys Lys Ala Ala His
485 490 495

Gly Leu Phe His Gly Ala Asn Ile Asp Ser Gln Ser Leu Ala Ala Leu
500 505 510

Leu Leu Ser Leu Lys Pro Gly Glu Asp Pro Val Thr Gly Glu Pro Ile
515 520 525

Pro Pro Thr Arg Thr Leu Asn Ala Arg Asp Val Ile Val Ile Asp Glu
530 535 540

Ala Gly Met Val Gly Ser Arg Met Met Gln Glu Leu Leu Ala Gln Val
545 550 555 560

Arg Ala Ser Gly Ala Lys Leu Val Leu Val Gly Asp Ile Ala Gln Leu
565 570 575

Gln Ala Ile Asp Ala Gly Gly Ala Phe Arg Ala Leu Gln Lys Thr Gly
580 585 590

Pro Asp Ala Val Ala Tyr Leu Lys Glu Asn Leu Arg Gln Arg Gly Glu
595 600 605

Lys Ala Glu Asp Met Lys Lys Val Val Ala Leu Thr Arg Gln Gly Asp
610 615 620

Ala Ala Lys Ala Leu Glu Ile Leu Asp Arg His Gly Leu Ile Glu Ile
625 630 635 640

Ala Asp Gly Trp Pro Glu Ala Ala Ala Met Ala Val Gly Arg Trp Val
645 650 655

Asn Leu Tyr Asp Ala Glu Gln Pro Gln Glu Ala Leu Leu Leu Ala Ala
660 665 670

Thr Asn Ala Ala Thr Glu Thr Leu Asn Ala Leu Ala Arg His Ala Leu

675 680 685
 Lys Ser Arg Gly Leu Leu Asp Asp Arg Pro Ala Val Thr Ile Thr Val
 690 695 700
 Arg Asp Arg Gln Gly Lys Ser Leu Gly Gln Arg Glu Ile Ala Leu Gly
 705 710 715 720
 Glu Arg Leu Val Phe Arg Ala Asn Arg Asn His Ala Gly Ile Leu Asn
 725 730 735
 Asn Glu Ala Gly Thr Val Thr Ala Leu Ser Glu Gly Phe His Gly Pro

740 745 750
 Glu Ile Thr Ile Arg Lys Asp Asp Gly Ser Glu Ile Thr Ile Ile Pro
 755 760 765
 Gly Gln Ser Val Pro Glu Gly Arg Thr Glu Arg Gln Ile Ser Pro Gly
 770 775 780
 Ala Gly Tyr Ala Gln Ile Glu Tyr Ala Tyr Ala Gly Thr Thr His Arg
 785 790 795 800
 Asn Gln Gly Thr Thr Ala Asp His Val Val Val Phe Ala Asp Gly Ser

805 810 815
 Met Glu Ser Arg Glu Lys Ala Tyr Val Asp Leu Ser Arg Met Arg His
 820 825 830
 Thr Thr Ala Val Val Phe Ala Arg Pro Asp Ile Glu Asn Asp Leu Ala
 835 840 845
 Glu Leu Gly Met Glu Pro Glu Val Gln Gly Phe Asp Ala Ile Lys Lys
 850 855 860
 Ile Ile Gly Ala Met Ser Arg Ser Gln Gln Lys Asn Thr Ser Leu Asp

865 870 875 880
 Tyr Thr Val Thr Gly Lys Pro Glu Pro Glu Thr Gly Thr Thr Glu Ser
 885 890 895
 Thr Pro Ala Ser Leu Pro His Arg Gly Arg Val Ala Ser
 900 905

<210> 87
 <211> 8
 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Afe

<400> 87

Gly His Ala Gly Ala Gly Lys Thr

1 5

<210> 88

<211

> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Afe

<400> 88

Tyr Ala Gly Thr Thr His Arg Asn Gln Gly

1 5 10

<210> 89

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Afe

<400> 89

His Ala Ser Ser Arg Glu Gln Asp Pro Gln Ile His Ser His

1 5 10

<210> 90

<211> 1185

<212> PRT

<213> Terriglobus saanensis SP1PR4

<400> 90

Met Leu Thr Ile Ser Lys Ala Ile Ser Ser Val Gln Ala Gln Thr Tyr

1 5 10 15

His Lys Leu Glu Tyr Thr Ser Asp Ala Gln Ser Tyr Tyr Lys Gln Glu

20 25 30

Asp Thr Val Arg Gly Glu Trp Gln Gly Lys Leu Ala Ala Ser Ile Gly

35 40 45

Leu Ser Gly Glu Val Ser Pro Leu Glu Phe Ser Arg Leu Thr Glu Gly

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

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

Gln Gly Thr Gly Val Gln Pro Asp Ser Arg Gly Ala Val Ala Phe Ala
325 330 335

Lys Glu Lys Val Phe Glu Arg Glu Ala Val Ala Asp Glu Arg Val Ile
340 345 350

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

Val Gln Ser Glu Phe Gln Arg Arg Arg Glu Glu Gly Glu Phe Arg Ser
370 375 380

Val Gln Gly Gln Lys Tyr Ser Ser Gly Arg Ser Phe Thr Thr Pro Glu
385 390 395 400

Thr Ile Ala Asp Glu Arg Ala Asn Val Arg His Val Leu Asp Gly Leu
405 410 415

Gly Ala Ala Ala Pro Met Leu Ser Thr Ala Ala Ala Asp Gln Gln Ala
420 425 430

Lys Ser Arg Asp Phe Leu Asn Glu Ala Gln Gln Thr Ala Ile Arg Glu
435 440 445

Val Leu Thr Ser Thr Asp Arg Val His Gly Phe Gln Gly Leu Ala Gly
450 455 460

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

Gly Gly Tyr Lys Val Glu Gly Phe Ala Pro Thr Ser Lys Ala Thr Gly
485 490 495

Gln Leu Arg Glu Ser Gly Ile Glu Ala Asn Thr Leu Gln Ser Phe Leu
500 505 510

Ala Gln Gln Lys Asn Ala Asp Ser Ala Ser Lys His Leu Tyr Met Leu
515 520 525

Asp Glu Ser Ser Leu Ala Ser Thr Arg Gln Met Arg Ala Phe Leu Glu
530 535 540

Lys Ile His Gln Glu Asp Arg Val Leu Val Ile Gly Asp Thr Arg Gln

545 550 555 560
 His Gln Gly Val Asp Ala Gly Arg Pro Phe Gln Gln Met Gln Glu Ala
 565 570 575

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

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

 Tyr Glu Arg Gly Ser Lys Ala Glu Gly Ile Gly Arg Gly Ser Phe Gly
 705 710 715 720
 Val Val Gln Ser Ser Asp Ala Ala Ser Asn Arg Leu Thr Val Glu Phe
 725 730 735
 Ser Asn Gly Ser Ser Val Glu Tyr Asp Pro Lys Arg Val Tyr Gly Val
 740 745 750
 Asn Val Tyr Arg Glu Thr Ser Arg Glu Phe Ala Thr Gly Asp Arg Leu
 755 760 765

 Gln Phe Ser Ala Ile His Lys Asp Leu Gly Ile Ser Asn Arg Asp Met
 770 775 780
 Gly Thr Ile Thr Lys Met Glu Pro Asp Arg Leu Thr Val Leu Met Asp
 785 790 795 800

Gly Lys Glu Gln Arg Ser Val Ser Phe Asn Pro Ala Asp Phe Arg Gln

805 810 815

Phe Asp His Gly Tyr Ala Val Thr Ser His Ser Ser Gln Gly Leu Thr

820 825 830

Thr Asp Arg Val Ile Ala Asn Ile Asp Thr Asp Ser Ser Arg Ser Leu

835 840 845

Ile Asn Asn Arg Leu Ala Tyr Val Ala Ile Ser Arg Ala Ser Glu Asp

850 855 860

Ala Arg Ile Tyr Thr Asn Asp Ala Ala Thr Leu Gly Gln Arg Leu Ser

865 870 875 880

Thr Asp Val Thr Lys Thr Ala Ala Leu Asp Phe Thr Ala Arg Pro Glu

885 890 895

His Ser Ala Ala Gln Glu Val Ser Lys Ala Arg Thr Val Val Val His

900 905 910

Glu Tyr Asn Asn Pro Asp Ser Arg Leu Ala Ser Val Thr Arg Glu Tyr

915 920 925

Val Ile Arg Pro Glu Arg Ser Ile Ile Phe Ala Pro Asp Arg Ala Glu

930 935 940

Arg Glu Lys Leu Thr Gln Ile Ile Arg Ala Asp Leu Tyr Ala Asn Gly

945 950 955 960

Lys Leu Gly His Asp Ala Gln Ala Met Ser Val Leu Ile Glu Lys Glu

965 970 975

Thr Gly Ser Lys Met Arg Val Glu Ser Tyr Gln Pro Gly Asp Lys Ile

980 985 990

Gln Tyr Lys Thr Gly Ser Pro Gly Leu Asp Gly Ile Pro His Asp Ser

995 1000 1005

His Ala Thr Val Val Ser Thr Thr Pro Arg Ser Asn Leu Leu Ser

1010 1015 1020

Val Arg Phe Asp Ala Thr Arg Glu Glu Val Ser Tyr Asn Pro Ala

1025 1030 1035

Gln Phe Arg Thr Gln Thr Arg Glu Ser Arg Val Tyr Gln Glu Glu

1040 1045 1050
 Thr Arg Glu Val Ala Gln Gly Glu Arg Val Arg Phe Thr Thr Tyr
 1055 1060 1065
 Asp Lys Glu Ile Gly Val Arg Ser Gly Asp Leu Gly Thr Val Thr
 1070 1075 1080

Arg Ile Gly Gln Asp His Ser Met Thr Val Lys Met Asp Ser Gly
 1085 1090 1095
 Arg Thr Ala Glu Val Ser Pro Glu Lys Ala Leu His Ile Asp Tyr
 1100 1105 1110
 Gly Tyr Ala Val Asp Ser Leu Lys Asn Val Arg Ala Glu Arg Val
 1115 1120 1125
 Ile Ala Thr Gly Asp Arg Leu Thr His Gln Ser Phe Gln Gly Thr
 1130 1135 1140

Ser Ser Lys Ala Gly Leu Ser Leu Tyr Thr Asn Ala Pro Gln Gln
 1145 1150 1155
 Asp Ser Ser Pro Thr Lys Glu Ile Ala Ser Pro Glu Leu Ala Gln
 1160 1165 1170
 Pro Ala Lys Gln Gln His Asp Phe Gly Ile Gly Phe
 1175 1180 1185

<210> 91

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Tsa

<400> 91

Gly Leu Ala Gly Thr Gly Lys Thr

1 5

<210> 92

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Tsa

<400> 92

Tyr Ala Val Thr Ser His Ser Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 93

<211> 18

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Tsa

<400> 93

His Asp Thr Ala Arg Pro Val Asn Gly Tyr Ala Ala Pro Gln Leu His

1 5 10 15

Thr His

<210> 94

<211> 1186

<212> PRT

<213> Microlunatus phosphovorus NM-1

<400> 94

Met Thr Val Ser Met Arg Val Met Thr Ala Gly Asp Gly Tyr Lys Tyr

1 5 10 15

Leu Leu Arg Ser Val Ala Ala Gly Asp Gly Asp Arg Ser Leu Ser Thr

20 25 30

Pro Leu Thr Arg Tyr Tyr Ala Glu Ala Gly Asn Pro Pro Gly Phe Trp

35 40 45

Ile Gly Gln Gly Leu Ala Ala Leu Gly His Gly Glu Leu Thr Thr Gly

50 55 60

Ser Glu Val Ser Glu Ala Gln Leu Glu Leu Leu Ile Gly Ser Gly Arg

65 70 75 80

Asp Pro Ile Thr Gly Asp Pro Leu Gly Lys Ala Tyr Pro Thr Phe Ala

85 90 95

Pro Val Ala Asp Arg Ile Glu Arg Arg Ile Lys Ala Leu Asp Ala Glu

100 105 110

Leu Gly Pro Ala Ala Arg Ala Val Glu Thr Ala Arg Ile Glu Ala Glu

115 120 125
Glu Ile Glu Arg Gly Thr Arg Arg Ala Val Ala Gly Phe Asp Phe Thr

130 135 140
Phe Ser Val Pro Lys Ser Val Ser Ala Leu Trp Ala Val Ala Asp Ala
145 150 155 160

Gly Thr Gln Ala Leu Ile Ala Asp Ala His His Ala Ala Val Ala Glu
165 170 175

Leu Val Ala Phe Ile Glu Gly Glu Val Ala Val Thr Arg Thr Gly Ala

180 185 190
Asp Gly Pro Glu Gly Thr Val Ala His Val Asp Val Leu Gly Val Ala

195 200 205
Ala Thr Ala Phe Asp His Tyr Asp Ser Arg Ala Gly Asp Pro Gln Leu
210 215 220

His Thr His Val Val Ile Ser Asn Lys Val Lys Thr Ala Gln Asp Gly
225 230 235 240
Lys Trp Arg Ala Leu Ala Gly Arg Pro Met His Ala Ala Val Val Ala

245 250 255
Val Ser Glu Leu Tyr Asn Ala Ala Leu Ala Asp Gln Leu Thr Arg Thr
260 265 270

Leu Gly Ile Glu Trp Glu Ser Arg Asp Arg Gly Arg Asp Arg Asn Pro
275 280 285
Ala Trp Glu Leu Val Gly Val Thr Glu Glu Leu Ile Gly Glu Phe Ser

290 295 300
Thr Arg Ser His His Ile Glu Ala Glu Lys Glu Arg Leu Ile Ala Glu

305 310 315 320
Tyr Val Ala Thr His Gly Arg Gln Pro Ser Ala Arg Ile Val Leu Lys
325 330 335

Leu Arg Ala Gln Ala Thr Leu Ala Thr Arg Pro Glu Lys His Ile His
340 345 350
Ser Leu Ala Asp Leu Thr Arg Gln Trp Arg Glu Arg Ala Gly Arg Val

355 360 365
Leu Gly Gln Asp Ala Thr Gly Trp Ala Arg Thr Leu Thr Arg Gln Ala

370 375 380
Ala Asp Ala Pro Ala Arg Val Leu Arg Ala Asp Asp Val Pro Leu Asp
385 390 395 400
Val Val Arg Glu Val Gly Leu Ser Val Met Ala Val Val Ser Glu Lys
405 410 415
Arg Ser Thr Trp Met Arg Trp Asn Leu His Ala Glu Ala Ser Arg Gln
420 425 430
Met Met Gly Trp Arg Phe Gly Thr Met Leu Asp Arg Glu Ala Ile Thr

435 440 445
Gly Leu Val Val Asp Ala Ala Glu Gln Ala Ser Leu Arg Leu Thr Pro
450 455 460
Pro Glu Leu Ala Ser Ser Pro Val Gln Phe Arg Arg Ser Asp Gly Thr
465 470 475 480
Ser Arg Phe Arg Pro His Ala Ser Val Leu Phe Ser Ser Glu Ala Leu
485 490 495
Leu Ala Ala Glu Asp Arg Leu Leu Ala Arg Ala Asp Thr Leu Ala Gly

500 505 510
Pro Val Val Gly Leu Glu Thr Val Glu Gln Ile Thr Ser Arg Pro Asp
515 520 525
Pro Arg Gly Arg Met Leu Gly Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ala
530 535 540
Ile Ala Val Ser Gly Arg Thr Leu Asp Val Leu Val Gly Pro Ala Gly
545 550 555 560
Ala Gly Lys Thr Thr Ala Met Asn Ala Leu Arg Arg Ala Trp Glu Lys

565 570 575
Glu His Gly Pro Gly Ser Val Val Gly Leu Ala Pro Ser Ala Val Ala
580 585 590
Ala Gln Val Leu Ala Asp Asp Leu Gly Val Val Thr Glu Asn Thr Ala
595 600 605

Lys Trp Trp Gln Asn His Leu Met His Gly Thr Thr Phe Glu Ala Gly
 610 615 620
 Gln Leu Ile Ile Ile Asp Glu Ala Ser Leu Ala Gly Thr Ala Ser Leu

 625 630 635 640
 Asp Arg Ile Thr Ala Glu Ala Glu Gln Ala Gly Ala Lys Thr Leu Leu
 645 650 655
 Val Gly Asp Trp Gly Gln Leu Gln Ser Val Asp Ala Gly Gly Ala Phe
 660 665 670
 Ser Met Leu Val His Ala Arg Asp Asp Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ile
 675 680 685
 His Arg Phe Thr His Arg Trp Glu Lys Thr Thr Ser Leu Gln Leu Arg

 690 695 700
 His Gly Arg Pro Glu Ala Ile Asp Thr Leu Ile Asp His Asp Arg Ile
 705 710 715 720
 Thr Gly Gly Glu Gln Glu Ala Met Ile Asp Ala Ala Tyr Gly Ala Trp
 725 730 735
 Arg His Asp Leu Ala Ala Gly Arg Ala Ser Ile Leu Val Ala Glu Thr
 740 745 750
 His Glu Thr Val Thr Ala Leu Asn Ala Arg Ala Arg Ala Asp Arg Ile

 755 760 765
 Ile Asp Gly Thr Val His Gly Thr Arg Glu Val Gly Leu His Asp Gly
 770 775 780
 Thr Ala Val Ser Glu Gly Asp Leu Val Ile Thr Arg His Asn Asp Arg
 785 790 795 800
 Arg Leu Arg Asn Gly Arg Ser Trp Val Arg Asn Gly Asp Arg Trp Thr
 805 810 815
 Val Ala Gly Val His Ala Asp Gly Ser Val Ser Ile Arg Pro Val Gly

 820 825 830
 Arg Arg Arg Arg Gly Gly Ile Val Leu Pro Ala Asp Tyr Val Ala Glu
 835 840 845
 His Leu Asp Leu Gly Tyr Ala Ile Thr Ala His Arg Ala Gln Gly Val

850 855 860
 Thr Thr Asp Thr Ala His Val Ile Ala Thr Ala Thr Thr Thr Arg Glu
 865 870 875 880
 Asn Phe Tyr Val Ala Met Thr Arg Gly Ala Asp Gly Asn Tyr Ala Tyr

 885 890 895
 Val Val Leu Asp Arg Pro Asp Asp Ser His Gly Val Pro His Pro Ser
 900 905 910
 Asp Asn Pro Asp Ala Thr Ala Arg Ser Val Leu Tyr Gly Val Ile Gln
 915 920 925
 His Ile Gly Ala Glu Leu Ser Ala His Glu Thr Ile Thr Ala Glu His
 930 935 940
 Glu Arg Trp Ser Asn Ile Gly Gln Leu Ala Ala Glu Tyr Glu Thr Ile

 945 950 955 960
 Ala Gln Ala Ala Gln His Asp Arg Trp Gly Ala Leu Leu Ala Ala Ala
 965 970 975
 Gly Leu Ala Ser Ala Gln Val Asp Ala Val Leu Asp Ser Asp Ala Tyr
 980 985 990
 Pro Ala Leu Ser Ala Glu Leu Arg His Ala Glu Ala Asn His His Asp
 995 1000 1005
 Leu Asp Thr Leu Leu Pro Arg Leu Ile Ala Ala Arg Gly Leu Gly

 1010 1015 1020
 Asp Ala Asp Asp Ile Ala Ser Val Ile His Ala Arg Val Ala Arg
 1025 1030 1035
 Ala Thr Ala Arg Pro Ala Gly Ser Gly Arg Thr Arg Lys Pro Pro
 1040 1045 1050
 Arg Leu Ile Ala Gly Leu Ile Pro Tyr Ala His Gly Pro Met Ala
 1055 1060 1065
 Asp Asp Met Arg Gln Ala Leu Asp Glu Arg His Glu Leu Ile Glu

 1070 1075 1080
 Ala Arg Ala Asp Ala Val Leu Thr Gly Ala Leu Thr Asp Lys Ala
 1085 1090 1095

Leu Trp Thr Ala Gln Leu Gly Pro Ala Pro Lys Asp Ala Lys Gln
 1100 1105 1110
 Arg Arg Ala Trp Arg Arg Ala Ala Val Ile Val Ala Ala Tyr Arg
 1115 1120 1125
 Asp Arg Tyr Gln Ile Thr Asp Asp Arg Ser Pro Leu Gly Pro Ala

1130 1135 1140
 Pro Gln Ser Thr Arg Gln Lys Ile Asp Ala Ala Arg Ala Arg Ala
 1145 1150 1155
 Ala Leu Asp Arg Ala Arg Ala Ile Thr Asp Glu Thr Gln Pro Glu
 1160 1165 1170
 Pro Ala Arg Ser Ala Thr Thr Arg Pro Ala Arg Thr Leu
 1175 1180 1185

<210> 95

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> RecD-like motif I of TrwC Mph

<400> 95

Gly Pro Ala Gly Ala Gly Lys Thr

1 5

<210> 96

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Mph

<400> 96

Tyr Ala Ile Thr Ala His Arg Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 97

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Mph

<400> 97

His Tyr Asp Ser Arg Ala Gly Asp Pro Gln Leu His Thr His
1 5 10

<210> 98

<211> 1843

<212> PRT

<213> Thermodesulfovibrio yellowstonii DSM 11347

<400> 98

Met Val Asn Phe Leu Glu Lys Glu Gly Tyr Ile Gln Tyr Arg Glu Thr
1 5 10 15

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

Val Asn Thr His Leu Cys Gly Arg Leu Asp Pro Gln Ile His Asn His
35 40 45

Ile Ser Phe Phe Asn Phe Thr Arg Thr Glu Asn Gly Asp Trp Lys Ala

50 55 60

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

Leu Glu Asn Gln Leu Ala Tyr Gln Leu Lys Gln Gln Gly Ile Asn Thr
85 90 95

Glu Leu Val Lys Glu Gly Asn Ser Lys Glu Tyr Val Thr Lys Ile Ala
100 105 110

Gly Leu Asn Glu Glu His Trp Lys Gly Ile Ala Arg Thr Ser Glu Leu

115 120 125

Ile Asp Lys Tyr Leu Glu Gln His Lys Glu Glu Leu Leu Gln Lys Tyr
130 135 140

Pro Asn Ala Thr Glu Ser Gln Leu Arg Glu Tyr Ala Tyr Leu Glu Ile
145 150 155 160

Arg Gln Ser Lys Gln Ser Lys Thr Ile Gly Glu Leu Phe Lys Gln Val
165 170 175

Glu Asp Ser Leu Lys Glu Gln Gly Leu Thr Gln Gln Asp Ile Ile Lys

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

Ser Thr Ile Leu Asp Lys Thr Arg Glu Ser Gly Cys Arg Ile Val Phe

435 440 445

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

450 455 460

Ala Ala Leu Ile Arg Glu Asn Lys Ile Asn His Val Lys Met Thr Asp

465 470 475 480

Ile Val Arg Gln Arg Asn Glu Glu Leu Lys Ser Ala Val Tyr Asp Ile

485 490 495

Tyr His Lys Asn Ile Glu Ser Ala Leu Asn Lys Ile Thr Phe Lys Thr

500 505 510

Ile Glu Arg Asp Ser Ala Leu Glu Ile Ala Thr His Ala Leu Lys Ser

515 520 525

Asp Lys Pro Ile Asn Ile Val Asp Arg Glu Ile Phe Glu Lys Val Lys

530 535 540

Glu Met Phe Glu Gly Gln Gly Ser Ala Thr Gln Tyr Val Gln Gln Phe

545 550 555 560

Lys Ser Ala Pro Phe Glu Arg Glu Ile Ile Glu Lys Leu Gly Ile Glu

565 570 575

Asp Ala Gly Gln Arg Glu Ala Phe Phe Phe Tyr Lys Asp Phe Gly Phe

580 585 590

His Glu Gly Glu Asn Pro His Gly Ile Lys Glu Asp Gln Ala Lys Lys

595 600 605

Ser Ile Arg Gln Met Ile Lys Met Gly Trp Val Val Ala Thr Glu Val

610 615 620

Glu Val Asn Gly Lys Lys Tyr Gly Ala Tyr Gln Lys Thr Gly Leu Phe

625 630 635 640

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

645 650 655

Glu Tyr Gln Lys Gln Ile Glu Gln Gln Gln Lys Glu Ile Leu Arg Glu

660 665 670

Ile Ala Lys Glu Tyr Ile Ser Gln Gly Tyr Lys Asn Ser Ala Ile Ser

675 680 685
Val Ala Thr Asn Gln Asp Ala Lys Ile Leu Asn Ser Leu Ile Ser Glu

690 695 700
Glu Leu Arg Asn Gly Glu Leu Lys Gly Ala Lys Ser Ile Glu Val Asn
705 710 715 720
Val Trp Val Asn Lys Asn Leu Asp Asn Val Glu Arg Leu Lys Ala Ser
725 730 735
Ser Tyr Asn Val Gly Asp Lys Leu Leu Val Met Ser Ser Gly Gly Gly
740 745 750
Val Ser Val Gly Lys Glu Leu Phe Val Lys Glu Val Asp Ile Val Lys

755 760 765
Asn Thr Leu Lys Val Glu Tyr Thr Thr Lys Lys Gly Glu Val Lys Glu
770 775 780
Arg Val Phe Asn Ile Glu Lys Leu Gly Asp Lys Val Gln Ala Phe Gln
785 790 795 800
Asn Glu Ser Ile Gln Ile Ala Glu Gly Glu Lys Leu Ile Phe Asn Asn
805 810 815
Thr Tyr Arg Asn Lys Asn Phe Ala Asn Ser Glu Phe Ala Tyr Val Lys

820 825 830
Ser Ile Asn Asn Glu Asp Gly Ser Ile Thr Ile Val Ser Lys Leu Asp
835 840 845
Ser Asp Lys Ala Lys Thr Thr Thr Phe Thr Lys Glu Glu Leu Ala Gln
850 855 860
Gly Val His Phe Gln His Gly Tyr Ala Val Thr Ala Asp His Met Gln
865 870 875 880
Gly Lys Thr Thr Gln Asn Val Ile Ala Phe Glu Thr Arg Asn Tyr Glu

885 890 895
Asn Phe Leu Val Ser Ile Thr Arg Ala Lys Gln Asn Ala Thr Ile Tyr
900 905 910
Ser Thr Met Ser Lys Glu Arg Phe Ile Glu Lys Ala Ser Glu Glu Ala
915 920 925

Thr Lys Glu Arg Ile Glu Arg Met Ala Tyr Lys Phe Asn Glu Glu Val
 930 935 940
 Phe Asn Thr Val Lys Glu Gln Ile Tyr Lys Asn Phe Lys Gln Gln Gln

 945 950 955 960
 Glu Gln Val Lys Glu Gln Gly Phe Glu Asn Glu Arg Glu Gly Gln Phe
 965 970 975
 Gln Lys Gln Glu Ser Lys Glu Gln Ser Glu Arg Tyr Gln Glu Ser Val
 980 985 990
 Phe Trp Ala Ser Glu Ala Ile Lys Asn Tyr Glu Lys Ser Glu Tyr Gln
 995 1000 1005
 Lys Trp Ala Lys Asn Phe Ser Glu Lys Asp Phe Lys Ala Val Gln

 1010 1015 1020
 Lys Pro Gln Lys Pro Asn Ile Val Lys Lys Ile Ala Asn Ala Met
 1025 1030 1035
 Val Asp Ser Asn Tyr Val Asp Arg Lys Phe Lys Asp Trp Leu Asn
 1040 1045 1050
 Gly Lys Thr Arg Asp Lys Phe Glu Lys Trp Thr Leu Lys Asp Gln
 1055 1060 1065
 Ile Lys Thr Trp Trp Lys Asn Asn Leu Asn Arg Asp Leu Glu Lys

 1070 1075 1080
 Leu Thr Gly Gln Lys Arg Arg Asp Tyr Trp Lys Thr Tyr Glu Val
 1085 1090 1095
 Tyr Thr Lys Asp Gln Asn Gly Gln Trp His Lys Gly Ile Gln Lys
 1100 1105 1110
 Leu His Val Arg Val Arg Gly Asp Lys Thr Thr Ile Glu Gly Tyr
 1115 1120 1125
 Thr Leu Thr Lys Asp Gly Ile His Tyr Phe Lys Ile Glu Lys Gln

 1130 1135 1140
 Lys Gly Leu Phe Gly Ile Glu Lys Val Leu Asp Gln Ser Met Glu
 1145 1150 1155
 Phe Ala Pro His Gln Leu Ser Pro Val Gln Gln Ile Ala Ala Val

1160	1165	1170
Gly Ala Gln Lys Pro Val Ile	Gln His Val Glu Pro	Pro Lys Leu
1175	1180	1185
Glu Lys Tyr Phe Thr Pro Ala	Gln Met Lys Asn Ile	Gln Asp Met
1190	1195	1200
Ala Arg Glu Ile Val Gln Lys	Gln Gln Glu Lys Gln	Gln Lys Ile
1205	1210	1215
Ser Glu Val Arg Glu Tyr Glu	Gln Lys Ser His Glu	His Ile Arg
1220	1225	1230
Glu Pro Ile Gln Lys Trp Gln	Glu Met Val Gln Ala	Gly Asp Arg
1235	1240	1245
Phe Asn Glu Val Leu Ala Asn	Thr Trp Gln Lys Trp	Gln Ser Gln
1250	1255	1260
Ala Gln Asn Val Arg Glu Phe	Ile Ile Gln Lys Asp	Arg Thr Thr
1265	1270	1275
Asn Lys Glu Ile Phe Gln Trp	Ser Lys Glu Asn Gln	Ile Gly Lys
1280	1285	1290
Glu Val Val Leu Ala Thr Thr	Arg Glu Met Gln Asp	Lys Gly Leu
1295	1300	1305
Ile Cys Val Glu Ser Tyr Asp	Glu Lys Thr Arg Thr	Ile Thr Phe
1310	1315	1320
Ile Ser Ala Ser Lys Leu Ser	Glu Gln Gln Lys Ala	Ile Ser Lys
1325	1330	1335
Ala Val Glu Ser Ile Tyr Arg	Asn Ser Ser Lys Trp	Ser Phe Ser
1340	1345	1350
Leu Lys Asp Ile Lys Ala Glu	Leu Lys Arg Ser Gly	Val Asp Ala
1355	1360	1365
Ala Asp Arg Thr Ile Tyr Lys	His Leu Ser Ser Met	Gly Tyr Lys
1370	1375	1380
Lys Asp Asp Lys Gly Arg Phe	His Phe Leu Asn Asp	Ser Ile His
1385	1390	1395

Val Arg Gln Asp Arg Glu Ile	Ile Ser Val Phe Ala Glu Lys Thr
1400	1405 1410
Ser Gly Lys Gly Tyr Phe Thr	Ala Ser Glu Leu His Lys Asn Ile
1415	1420 1425
Ser His Ile His His Ile His	Pro Gln Arg Leu Glu Lys Tyr Leu
1430	1435 1440
His Glu Glu Lys Thr Leu Lys	Leu Ile Gly Phe Gln Lys Asn Ser
1445	1450 1455
Asp Gly Lys Leu Glu Ala Ile	Phe Cys His Lys Gln Asp Tyr Glu
1460	1465 1470
Asn Ser Lys Gln His Trp Leu	Asn Ser Ile Ala Ser Ile Pro Gln
1475	1480 1485
Lys Ala Asp Glu Gln Leu Val	Arg Phe Tyr Ile Glu Lys Glu Gly
1490	1495 1500
Ile Ser Pro Trp Lys Asn Leu	Thr Lys Asp Gln Leu Gln Lys Leu
1505	1510 1515
Gln Ser Glu Phe Lys Asn Ala	Gly Val Asn Glu Lys Lys Gly Tyr
1520	1525 1530
Phe Phe Ser Cys Val Glu Arg	Val Gln His Gln Met Arg Glu Thr
1535	1540 1545
Glu Ile Gln Arg Val Met Gln	Thr Ile Arg Phe Met Thr Glu Arg
1550	1555 1560
Met Gln Gln Ser Gln Gln Gln	Gln Glu His Ser Leu Ala Gln Gln
1565	1570 1575
Asn Val Gln Ile Asp Arg Glu	Val Leu Lys Met His Ser Met Leu
1580	1585 1590
Asn Arg Asn Ile Gln Tyr Asp	Ile Thr His Glu Glu Phe Gln Arg
1595	1600 1605
Val Lys Glu Tyr Met Asp Thr	His Asn Gly Ser Val Val Ala Met
1610	1615 1620
Gln Asn Pro Pro Gln Asn Glu	Lys Tyr Ser Ser Val Leu Tyr Thr

1625	1630	1635
Thr Lys Lys Asp Ile Tyr Met	Glu Lys Ala Met Ala	Glu Lys Ile
1640	1645	1650
Gly Val Lys Tyr Gln Asn Glu	Ser Thr Ala Tyr Phe	Ser Ser Lys
1655	1660	1665
Asp Leu Val Ser Asn Thr Gly	Leu Gly Lys Asp Lys	Ile Asp Gln

1670	1675	1680
Ala Met His Lys Met Phe Arg	Ser Gly Trp Val Ile	Pro Val Thr
1685	1690	1695
Val Ser Thr Asp Lys Lys Leu	Tyr Gly Ala Trp Gln	Lys Thr Ser
1700	1705	1710
Leu Tyr Gly Val Asp Thr Glu	Arg Val Lys Glu Ala	Tyr Gly Lys
1715	1720	1725
Glu Lys Glu Lys Val Val Gln	Gln Leu Lys Glu Glu	Trp Lys Lys

1730	1735	1740
Ile Lys Ala Gln Glu Gln Gly	Asn Lys Lys Glu Lys	Asp Tyr Ile
1745	1750	1755
Ser Lys Thr Asp Ile Arg Asn	Glu Leu Asn Asn Glu	Val His Thr
1760	1765	1770
Lys Ala Ile Ser Glu Gly Ile	Lys Arg Ser Leu Asp	Gly Asn Ile
1775	1780	1785
Ile Ser Glu His Lys Ile Thr	Ile Lys Thr Lys Glu	Ser Asp Ser

1790	1795	1800
Lys Glu Val Thr Val Tyr Lys	Pro Ala Gln Ser Ile	Glu Lys Ser
1805	1810	1815
Gln Ser Gln Ser His Glu Lys	Ser Thr Asn Pro Ser	Gln Asp Lys
1820	1825	1830
Thr Ala Ser Val Ser Met Glu	Arg Gly Arg	
1835	1840	

<210> 99

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Tye

<400> 99

Gly Trp Ala Gly Val Gly Lys Thr

1 5

<210> 100

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Tye

<400> 100

Tyr Ala Val Thr Ala Asp His Met Gln Gly

1 5 10

<210> 101

<211> 13

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Tye

<400> 101

His Leu Cys Gly Arg Leu Asp Pro Gln Ile His Asn His

1 5 10

<210> 102

<211> 942

<212> PRT

<213> Rhodothermus marinus SG0.5JP17-172

<400> 102

Met Ile Arg Gly Val Leu Ile Ser Arg Ala Ser Val Gln Arg Gln Leu

1 5 10 15

Asp His Met Ala Ala Val Pro Gly Arg Gln Asp Val Val Trp His Gly

20 25 30

Ile Ala Leu Ser His Asp Gly Leu Gln Gly Ile Ala Arg Glu Gly Lys

35 40 45

Leu Ser Val Ala Gly Thr Gly Ala Arg Leu Leu Gln Leu Pro Ala Gln

50

55

60

Val Ser Thr Lys Gln Ala Thr Ala Leu Ile Leu Gly His Gln Trp Asp

65

70

75

80

Gly Val Asp Ile Gly Gly Arg Gln Val Cys Arg Pro Met Tyr Gly Ile

85

90

95

Val Trp Gly Ala Asp Lys Thr Ile Ser Gln Leu Leu Ala His Glu Gln

100

105

110

Leu Arg Pro Leu Val Leu Glu Ala Met His Glu Ala Val Gln Lys Ala

115

120

125

Leu Ala Glu Thr Glu Arg Leu Leu Trp Thr Arg Ala Gly Lys Gly Gly

130

135

140

Arg Glu Ala Val Pro Val Arg Gly Val Leu Ala Leu Tyr Ser Ile His

145

150

155

160

Met Thr Ser Gly Asp Gly Ser Pro His Leu His Val His Ile Gly Leu

165

170

175

Arg Ala Thr Ala Pro Ser Val Asp Gly Arg Trp Arg Thr Leu Asp Pro

180

185

190

Arg Ala Val Phe Gly Leu Trp Lys Arg Thr Leu Asp Gly Ala Ile Gly

195

200

205

Arg His Leu Tyr Gln Ala Leu Gln Gln Arg Gly Ile His Val Asp Glu

210

215

220

His Val Leu Val Gly Ser Thr Trp Thr Pro Ala Ile Arg Ser Leu Thr

225

230

235

240

Pro His Ser Glu Arg Leu Ser Arg Arg Arg Gln Gln Val Leu Glu Ala

245

250

255

Leu Ala Thr Leu Ala Asp Asp Pro Thr Trp Arg Gln Asn Leu Val Ala

260

265

270

Trp Arg Ile Thr Arg Arg Asp Val Ala Leu Glu Ala Val Glu His Gly

275

280

285

Leu Asp Arg Met Leu Arg Asp Pro Glu Gln Ala Arg Arg Val Ala Ala

290 295 300
 Val Trp Gly Ile Pro Glu Gly Glu Ile Glu Lys Ala Leu Gly Arg Thr

 305 310 315 320
 Leu Pro Glu Ala Pro Pro Leu Lys Lys Ala Leu Phe Arg Tyr Ala Glu
 325 330 335
 Ala Val Arg Met Arg Asp Ala Gln Val Arg Leu Gln Thr Ala Arg Gln
 340 345 350
 Ile Phe Gly Glu Leu Gln Gly His Ile Arg Arg Trp Cys Val Gly Asp
 355 360 365
 Ile Thr Ala Ala Leu Ala Tyr His Thr Asp Ala Ala Ser Ala Thr Ala

 370 375 380
 Leu Thr Tyr Trp Leu Leu Arg Asp Trp Gln His Leu Gly Leu Ile Gln
 385 390 395 400
 Thr Arg Gln Ser Leu Ser Ala Ala Val Phe Ser Arg Leu Leu Lys Gly
 405 410 415
 Glu Ile Thr Ser Thr Thr Glu Leu Arg Ala Val Phe Gly Pro His Ala
 420 425 430
 Tyr Val Val Thr Thr Arg Gln Leu Glu Glu Glu Gln Ala Leu Tyr Glu

 435 440 445
 Lys Ala Leu Gly Leu Ala Arg Ala Arg Arg Gln Pro Ile Leu Thr Asn
 450 455 460
 Ala Pro Ala His Phe Thr Pro Glu Gln Arg Ala Ala Leu Asp Val Leu
 465 470 475 480
 Arg Arg Gly Arg Ala Leu Ser Val Val Gln Gly Val Ala Gly Ala Gly
 485 490 495
 Lys Thr Thr Leu Leu His Pro Leu Val Glu Ala Ala Gln Gln Gln Gly

 500 505 510
 Leu Arg Val Gln Val Leu Ala Arg Asn Ala Ile Ile Ala Arg Glu Leu
 515 520 525
 Gly Glu Glu Leu Gly Val Pro Ser Ser Thr Leu Glu Thr Ala Thr Arg
 530 535 540

Gln	Gly	Leu	Arg	Pro	Arg	Gln	Pro	Thr	Leu	Leu	Ile	Val	Asp	Glu	Gly
545				550				555				560			
Gly	Val	Val	Asp	Leu	His	His	Met	Gln	Ala	Leu	Leu	Glu	Ala	Ala	Ser
565				570				575							
Gln	Pro	His	Met	Gln	Leu	Val	Leu	Leu	Gly	Asp	Arg	Gln	Gln	Thr	Gln
580				585				590							
Pro	Ile	Asp	Gln	Arg	Ala	Ala	Phe	Ala	Ile	Val	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala
595				600				605							
Arg	Ala	Gly	Gln	Leu	Arg	Gln	Leu	Arg	Thr	Ser	Phe	Arg	Thr	Gln	Ala
610				615				620							
Trp	Gln	Ala	Glu	His	Glu	Ala	Leu	Arg	Arg	Ala	Leu	Ser	Pro	Gln	His
625				630				635				640			
Ala	Gln	Lys	Ala	Val	Ala	Met	Ala	Gly	Ala	Asp	Gly	Arg	Ile	Tyr	Gly
645				650				655							
Ser	Thr	Asp	Leu	Thr	Thr	Ala	Ile	Arg	Gln	Ala	Val	Asp	Trp	Trp	Gln
660				665				670							
Ala	Leu	Ser	Arg	Arg	Glu	Ser	Thr	Val	Ile	Leu	Ser	Pro	Thr	Asn	Glu
675				680				685							
Leu	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Thr	Glu	Ala	Gln	Ser	Arg	Leu	Gly	Ile	Thr
690				695				700							
Ile	Asp	Pro	Arg	Thr	Arg	Leu	Arg	Trp	Gly	Gln	Arg	Cys	Gly	Ile	Gly
705				710				715				720			
Asp	Thr	Val	Arg	Ile	Arg	Phe	Asn	Arg	His	Asp	Leu	Gly	Leu	Leu	Asn
725				730				735							
Gly	Thr	Thr	Ala	Arg	Val	Val	Asp	Ile	Asp	Gln	Asp	Gly	Ile	Thr	Ile
740				745				750							
Glu	His	Arg	Gly	Arg	Arg	Leu	Tyr	Leu	Asp	His	Gly	Trp	Thr	Ala	Glu
755				760				765							
His	Val	Glu	Leu	Ala	Tyr	Ala	Leu	Thr	Ile	Asp	Ser	Ala	Gln	Gly	Leu
770				775				780							
Thr	Val	Asp	Arg	Ala	Ile	Val	Leu	Ala	Thr	Glu	Thr	Gly	His	Ser	Arg

785 790 795 800
 Leu Tyr Thr Ala Ala Thr Arg Gly Arg Gln Ala Pro Val Trp Val Val
 805 810 815
 Val His Asp Glu Glu Glu Thr Pro Asp Gln Ala Leu Glu Arg Arg Leu

 820 825 830
 Gln Arg Asp Asp Ile Ala Arg Thr Gly His Glu His Val Gly Gln Arg
 835 840 845
 Ile Gly Lys Ser Thr Ser Pro Glu Lys Glu Arg Leu Leu Ala Ile Leu
 850 855 860
 Gln Arg Leu Glu Glu His Asp Leu Ile Asp Pro Asp Leu Ala Arg Leu
 865 870 875 880
 Tyr Arg Ala Arg Ile Leu Asn Asp Ala Thr Arg Pro Arg Ala Lys Arg

 885 890 895
 Phe Ile Glu Leu His Val Gln Leu Ile Gln Gln Ala Gln Gly Arg Arg
 900 905 910
 Asp Val Leu Arg Leu Val Arg Thr Ala Arg Tyr Glu Glu Ala Gln Arg
 915 920 925
 Leu Leu Glu Arg Gly Arg Asn Arg Asp Asp Gly Leu Glu Leu
 930 935 940

<210> 103

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Rma

<400> 103

Gly Val Ala Gly Ala Gly Lys Thr

1 5

<210> 104

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Rma

<400> 104

Tyr Ala Leu Thr Ile Asp Ser Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 105

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Rma

<400> 105

His Met Thr Ser Gly Asp Gly Ser Pro His Leu His Val His

1 5 10

<210> 106

<211> 961

<212> PRT

<213> Oceanicaulis alexandrii HTCC2633

<400> 106

Met Ala Ile Phe His Phe Ser Ala Lys Val Ile Gly Arg Ser Ser Gly

1 5 10 15

Arg Ser Ala Val Ala Ala Ala Ala Tyr Arg Ala Gly Glu Gln Leu His

20 25 30

Asp Gln Arg Ile Asp Arg Thr His Asp Phe Thr Asn Lys Ala Gly Val

35 40 45

Leu His Ser Glu Val Met Leu Pro Lys Gly Ala Pro Glu Ala Phe Ala

50 55 60

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

65 70 75 80

Asp Ala Gln Leu Ala Arg Glu Val Glu Phe Ala Leu Pro Arg Glu Leu

85 90 95

Ser Lys Lys Asp Asn Ile Lys Leu Thr Arg Glu Phe Val Lys Ala Glu

100 105 110

Phe Val Glu Lys Gly Met Ile Ala Asp Leu Asn Val His Trp Asp Ile

115 120 125

Gly Glu Asp Gly Lys Ala Lys Pro His Ala His Ala Met Leu Thr Met
 130 135 140
 Arg Glu Val Thr Lys Asp Gly Phe Gly Ala Lys Val Arg Asp Trp Asn
 145 150 155 160
 Arg Thr Ala Leu Ile Glu Gln Trp Arg Glu Arg Trp Ala Asp His Val
 165 170 175

 Asn Arg Ala Leu Ala Glu Arg Asp Ile Asp Ala Arg Ile Asp His Arg
 180 185 190
 Ser Leu Glu Ala Gln Gly Ile Ala Leu Glu Pro Gln Asp Lys Ile Gly
 195 200 205
 Pro Ala Ala Ser Arg Ile Gly Gly Arg Gly Leu Glu Ala Glu Arg Ile
 210 215 220
 Glu Glu His Arg Ala Ile Ala Gln Arg Asn Gly Glu Arg Ile Ile Ala
 225 230 235 240

 Asn Pro Ala Leu Ala Leu Asp Ala Ile Thr His Gln Gln Ala Thr Phe
 245 250 255
 Thr Arg Arg Asp Leu Ala Ala Phe Val His Arg His Ser Asp Gly Lys
 260 265 270
 Glu Gln Phe Asp Ala Ala Tyr Asn Ala Val Arg Ser Ser Ala Asp Met
 275 280 285
 Ile Ala Leu Gly Thr Asp Gly Arg Gly Gln Asp Arg Phe Thr Ser Arg
 290 295 300

 Ala Met Ile Glu Ala Glu Gln Arg Leu His Arg Ala Ala Asp Thr Met
 305 310 315 320
 Ala Glu Arg Lys Gly His Ala Val Asn Asp Val Gln Arg Asn Ala Ala
 325 330 335
 Phe Ala Asn Ala Ala Lys Arg Gly Leu Val Leu Ser Gly Glu Gln Lys
 340 345 350
 Ser Ala Phe Glu His Val Thr Asn Ser Lys Gly Leu Thr Ile Val Val
 355 360 365

 Gly Tyr Ala Gly Thr Gly Lys Ser Ala Met Leu Gly Val Ala Arg Glu

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

Thr Val Ala Met Ala Asn Asp Gln Ser Met Ala Val Arg Thr Asp Asp
 625 630 635 640
 Gly Arg Glu Val Ala Phe Asp Thr Lys Asp Tyr Ala His Ile Asp His
 645 650 655
 Gly Tyr Ala Ala Thr Ile His Lys Ala Gln Gly Met Thr Val Asp Arg
 660 665 670
 Ala His Val Leu Ala Thr Pro Gly Leu Asp Ser His Ser Ala Tyr Val
 675 680 685

 Ala Met Ser Arg His Arg Glu Gly Leu Ala Leu His Tyr Gly Arg Asn
 690 695 700
 Asp Phe Ala Asp Gln Ser Lys Leu Val Arg Leu Leu Ser Arg Glu Arg
 705 710 715 720
 Gly Lys Asp Leu Ala Gly Asp Tyr Lys Pro Glu Gln Ala Phe Ala Glu
 725 730 735
 Leu Arg Gly Ile Ser Phe Arg Glu Arg Ile Ile Glu Val Val Arg Gln
 740 745 750

 Val Pro Glu Arg Ala Lys Ser Ile Phe Gly Asn Phe Arg Pro Gln Ala
 755 760 765
 Arg Gln Leu Glu Pro Ile Pro Ala Leu Ala Asn Met Gln Asp Asp Gln
 770 775 780
 Arg Arg Ala Val Glu Arg Tyr Ala Arg Ala Leu Gly Asp Ile Ala Thr
 785 790 795 800
 Met Gln Thr Lys Gly Leu Pro Val Leu Pro His Gln Lys Ala Ala Leu
 805 810 815

 Glu Lys Ala Gly Lys Ala Leu Asp Ala Ile Arg Pro His Ala Ala Thr
 820 825 830
 Asp Leu Ala Lys Ala Leu Asp Arg Arg Pro Glu Leu Ile Ala Glu Ala
 835 840 845
 Ala Gly Gly Arg Ser Gln Glu Ala Met Arg Ala Met Gln His Glu Ala
 850 855 860
 Ala Val Arg Thr Asp Pro Ala Leu Arg Thr Glu Arg Phe Val Ser Asp

865 870 875 880

Trp Gln Gly Leu Ser Thr Ala Arg Lys Gln Leu Glu Gln Gln Gly Asp

885 890 895

Arg Ala Gly Ala Ala Arg Val Ser Ala Lys Gln Asn Glu Leu Ala Lys

900 905 910

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

915 920 925

Arg Glu Leu Gly Ile Asp Pro Lys Pro Glu Arg Ser Ile Ala Asn Glu

930 935 940

Leu Ser Thr Thr Leu Thr Arg Glu Arg Thr Arg Ser Phe Asp Met Gly

945 950 955 960

Ile

<210> 107

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Oma

<400> 107

Gly Tyr Ala Gly Thr Gly Lys Ser

1 5

<210> 108

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Oma

<400> 108

Tyr Ala Ala Thr Ile His Lys Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 109

<211> 24

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobQ motif III of TrwC Oma

<400> 109

Gly Met Ile Ala Asp Leu Val Asn Val His Trp Asp Ile Gly Glu Asp

1 5 10 15

Gly Lys Ala Lys Pro His Ala His

20

<210> 110

<211> 970

<212> PRT

<213> Citromicrobium sp. JLT1363

<400> 110

Met Leu Ser Val Ala Asn Val Arg Ser Pro Ser Ala Ala Ala Ser Tyr

1 5 10 15

Phe Ala Ser Asp Asn Tyr Tyr Ala Ser Ala Asp Ala Asp Arg Ser Gly

20 25 30

Gln Trp Val Gly Glu Gly Ala Lys Arg Leu Gly Leu Asn Gly Lys Val

35 40 45

Glu Ala Gln Thr Phe Asp Ala Leu Leu Arg Gly Glu Leu Pro Asp Gly

50 55 60

Ser Ser Val Gly Asn Pro Gly Gln Ala His Arg Pro Gly Thr Asp Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Asp Glu Arg Ile Ile Ala Ala Tyr Arg Glu Ala Val Leu Glu Ala Leu

100 105 110

His Trp Ala Glu Lys Asn Ala Ala Glu Thr Arg Met Val Glu Lys Gly

115 120 125

Lys Thr Val Thr Gln Ala Thr Gly Asn Leu Ala Ile Gly Leu Phe Gln

130 135 140

His Asp Thr Asn Arg Asn Gln Glu Pro Asn Leu His Phe His Ala Val

145 150 155 160

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

Asn Asp Arg Leu Trp Gln Leu Asn Thr Thr Leu Asn Ser Ile Ala Met
180 185 190

Ala Arg Phe Arg Val Ala Val Glu Lys Leu Gly Tyr Glu Pro Gly Pro
195 200 205

Thr Leu Lys His Gly Asn Phe Glu Ala Arg Gly Ile Thr Arg Glu Gln
210 215 220

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

Gly Ser Gly Leu Glu Ala Gly Arg Ile Ala Ala Leu Asp Thr Arg Ala
245 250 255

Ser Lys Asp Gly Ile Glu Asp Arg Glu Ala Leu Gly Met Gln Trp Ser
260 265 270

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

Ala Gln Thr Arg Ser Leu Lys Gln Ser Ile Glu Thr Gly Arg Phe Gly
290 295 300

Ser Leu Val Glu Arg Gly Arg Ala Trp Leu Gly Arg Phe Val Ala His
305 310 315 320

Val Arg Gly Asp Pro Ala Asp Pro Leu Val Pro Lys Ser Val Leu Arg
325 330 335

Gln Asp Arg Glu Thr Ile Ala Ala Ala Gln Ala Val Ala Ser Ala Val
340 345 350

Arg His Leu Ser Gln Arg Glu Ala Ala Phe Glu Arg Thr Ala Leu Tyr
355 360 365

Lys Ala Ala Leu Asp Phe Gly Leu Pro Ala Thr Ile Ala Asp Ile Glu
370 375 380

Lys Arg Thr Arg Ala Leu Val Arg Ser Gly Asp Leu Ile Ala Gly Met
385 390 395 400

Gly Glu His Lys Asp Trp Leu Ala Ser Arg Asp Glu Val Leu Thr Glu

405 410 415
 Gln Arg Ile Val Ser Glu Val Ala Ala Gly Lys Gly Ala Ser Ser Ser
 420 425 430
 Ala Val Glu Pro Glu Ser Ala Thr Asp Arg Val Gln Ala Ala Ala Met
 435 440 445
 Thr Gly Gln Gly Phe Arg Leu Asn Glu Gly Gln Leu Gly Ala Ala Lys
 450 455 460

 Leu Ile Leu Thr Ser Glu Asp Arg Thr Ile Ala Val Gln Gly Ile Ala
 465 470 475 480
 Gly Ala Gly Lys Ser Ser Val Leu Lys Pro Val Ala Glu Val Leu Arg
 485 490 495
 Asp Glu Gly His Ser Val Ile Gly Leu Ala Ile Gln Asn Thr Leu Val
 500 505 510
 Gln Met Leu Glu Arg Asp Thr Gly Ile Gly Ser Gln Thr Leu Ala Arg
 515 520 525

 Phe Leu Gly Gly Trp Lys Lys Leu Leu Asp Asp Pro Gly Asn Ala Ala
 530 535 540
 Leu Arg Ala Glu Ala Lys Ala Ala Leu Lys Asp His Val Leu Val Leu
 545 550 555 560
 Asp Glu Ala Ser Met Val Ser Asn Glu Asp Lys Glu Lys Leu Val Arg
 565 570 575
 Leu Ala Asn Leu Ala Asp Val His Arg Leu Val Leu Met Gly Asp Arg
 580 585 590

 Lys Gln Leu Gly Ala Val Asp Ala Gly Lys Pro Phe Ala Leu Leu Gln
 595 600 605
 Arg Thr Gly Met Ala Arg Ala Glu Met Ala Thr Asn Leu Arg Ala Arg
 610 615 620
 Asp Pro Val Val Arg Glu Ala Gln Ala Ala Ala Gln Ala Gly Asp Val
 625 630 635 640
 Arg Thr Ala Leu Arg His Leu Gln Pro His Thr Leu Glu Ala Arg Gly
 645 650 655

Asp Gly Ala Leu Val Ala Ala Asn Thr Trp Leu Ala Leu Asp Lys Asp
 660 665 670
 Thr Arg Ser Arg Thr Ser Ile Tyr Ala Ser Gly Arg Ala Ile Arg Ser
 675 680 685
 Ala Val Asn Ala Ala Val Gln Gln Gly Leu Leu Ala Asn Gly Glu Ile
 690 695 700
 Gly Pro Gly Lys Ala Glu Leu Gly Val Leu Asp Arg Val Asn Thr Thr
 705 710 715 720

 Arg Glu Glu Leu Arg His Leu Ser Ala Tyr Gln Pro Gly Arg Val Leu
 725 730 735
 Glu Val Ser Arg Lys Gln Gln Ala Leu Gly Leu Ser Ala Gly Glu Tyr
 740 745 750
 Arg Val Leu Gly Gln Asp Arg Lys Gly Arg Gln Val Glu Val Ala Asp
 755 760 765
 Lys Arg Gly Lys Arg Phe Arg Phe Asp Pro Ala Arg Ile Arg Ala Gly
 770 775 780

 Lys Gly Asp Gln Asn Leu Thr Leu His Glu Pro Arg Lys Leu Glu Ile
 785 790 795 800
 His Glu Gly Asp Arg Ile Arg Trp Thr Arg Asn Asp His Arg Arg Gly
 805 810 815
 Leu Phe Asn Ala Asp Gln Ala Arg Val Val Ala Val Val Gly Gly Lys
 820 825 830
 Val Thr Phe Glu Thr Ser Lys Gly Asp Gln Val Glu Leu Lys Lys Asp
 835 840 845

 Asp Pro Met Leu Lys Arg Ile Asp Leu Ala Tyr Ala Leu Asn Ala His
 850 855 860
 Met Ala Gln Gly Leu Thr Ser Asp Arg Gly Ile Ala Val Met Asp Ser
 865 870 875 880
 Arg Glu Arg Asn Leu Ser Asn Gln Lys Thr Phe Leu Val Thr Ile Thr
 885 890 895
 Arg Leu Arg Asp His Leu Thr Leu Val Val Asp Ser Ser Asp Arg Leu

900 905 910
 Gly Ala Ala Val Ala Arg Asn Lys Gly Glu Lys Ala Ser Ala Leu Glu
 915 920 925
 Val Thr Ala Gln Val Ala Pro Thr Glu Lys Lys Asn Gly Glu Leu Asp
 930 935 940
 Gln Leu Lys Pro Glu Glu Ala Asn Lys Ala Glu Lys Glu Ile Ala Arg
 945 950 955 960
 Ser Lys Ser Lys Thr Leu Asp Phe Gly Ile
 965 970
 <210> 111
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> MobF motif III of TrwC Cjlt
 <400> 111
 His Asp Thr Asn Arg Asn Gln Glu Pro Asn Leu His Phe His
 1 5 10
 <210> 112
 <211> 974
 <212> PRT
 <213> Erythrobacter sp. SD-21
 <400> 112
 Met Leu Ser Val Ala Asn Val Arg Ser Pro Ser Ala Ala Ala Ser Tyr
 1 5 10 15
 Phe Ala Ala Asp Asn Tyr Tyr Thr Gly Ala Asp Ala Asp Arg Ser Gly
 20 25 30
 Thr Trp Val Gly Lys Gly Ala Glu Arg Leu Gly Leu Glu Gly Arg Val
 35 40 45
 Asn Ala Glu Gln Phe Asp Ala Leu Leu Arg Gly Glu Leu Pro Gly Gly
 50 55 60
 Ile Gln Val Gly Asn Ala Gly Gln Ala His Arg Pro Gly Thr Asp Leu
 65 70 75 80

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

Asp Gln Arg Ile Ile Asp Ala Tyr Arg Glu Ala Val Ile Glu Thr Leu
100 105 110

Arg Trp Ala Glu Lys Asn Ala Ala Gln Thr Arg Met Gly Ser Gln Ala
115 120 125

Gly Tyr Gly Lys Val Ala Thr Asp Asn Leu Thr Ile Gly Leu Phe Gln
130 135 140

His Asp Thr Asn Arg Asn Gln Glu Pro Asn Leu His Phe His Ala Val
145 150 155 160

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

Asn Asp Lys Leu Trp Ser Phe Asn Thr Leu Leu Asn Ser Met Thr Met
180 185 190

Ala Arg Phe Arg Leu Ala Val Glu Lys Met Gly Tyr Glu Ala Gly Pro
195 200 205

Val Gly Lys His Gly Asn Phe Glu Ala Ala Gly Ile Ala Arg Glu Gln
210 215 220

Val Met Ala Phe Ser Thr Arg Arg Glu Glu Val Leu Asp Ala Val Arg
225 230 235 240

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

Thr Arg Lys Ser Lys Ala Pro Val Arg Asp Arg Asp Gly Leu Leu Asp
260 265 270

Ala Trp Arg Gln Lys Ala Gln Glu Val Gly Ile Asp Leu Ala Gly Leu
275 280 285

Ile Asp Ala Ser Gln Met Arg Ala Ala Ala Lys Val Ala Gly Gly Ser
290 295 300

Lys Glu Gln Ser Leu Leu Gln Arg Gly Ile Thr Lys Leu Arg Glu Phe
305 310 315 320

Ala Gln Arg Ile Lys Gly Asp Pro Ala Asp Pro Leu Ile Pro Ala His

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

Leu Val Arg Leu Ala Asn Leu Ala Glu Val His Arg Leu Val Leu Val
 580 585 590
 Gly Asp Lys Arg Gln Leu Gly Ala Val Asp Ala Gly Lys Pro Phe Asp
 595 600 605

 Leu Val Gln Gln Ala Gly Ile Glu Arg Ala Asp Met Asp Val Asn Leu
 610 615 620
 Arg Gly Arg Asp Pro Val Leu Arg Arg Ala Gln Ala Ala Ala Gln Glu
 625 630 635 640
 Gly Arg Ile Asp Asp Ala Leu Gln Ala Leu Ala Pro Ser Thr Ile Glu
 645 650 655
 Ala Arg Gly Asp Ser Ala Ile Val Ala Ala Glu Lys Trp Leu Ser Leu
 660 665 670

 Ser Pro Ala Asp Arg Asp Arg Thr Ser Ile Tyr Ala Ser Gly Arg Ala
 675 680 685
 Leu Arg Ser Ala Val Asn Glu Ala Val Gln Arg Gly Leu Lys Ala Asn
 690 695 700
 Gly Glu Leu Gly Leu Arg Ser Gly Arg Leu Thr Val His Ser Arg Val
 705 710 715 720
 Asn Val Thr Asn Glu Glu Leu Arg Tyr Leu Arg Thr Tyr Gln Pro Gly
 725 730 735

 Met Val Leu Asn Phe Arg Ser Arg Asp Ser Thr Gln Lys Leu Ser Lys
 740 745 750
 Gly Asp Tyr Thr Val Lys Thr Ile Asp His Ala Arg Lys Gln Leu Val
 755 760 765
 Leu Glu Asp Arg Lys Gly Arg Leu Arg Lys Phe Asn Pro Ala Arg Leu
 770 775 780
 Arg Pro Gly Ala Val Glu Ser Arg Leu Ser Leu Phe Glu Arg Lys Ser
 785 790 795 800

 Leu Ser Ile Ile Glu Gly Asp Lys Ile Arg Trp Thr Asp Asn Asp His
 805 810 815
 Lys Arg Gly Leu Phe Asn Ala Asp Gln Ala Arg Ile Val Ala Ile Asp

820 825 830
 Thr Lys Gly Val Leu Val Glu Thr Ser Gly Gly Gln Glu Leu Arg Leu
 835 840 845
 Ser Arg Gly Asp Pro Met Leu Lys Arg Val Asp Leu Ala Tyr Ala Leu
 850 855 860

Asn Ala His Met Ala Gln Gly Leu Thr Ser Asp Arg Gly Ile Ala Val
 865 870 875 880
 Met Asp Ser His Glu Arg Asn Leu Ala Asn Arg Gln Thr Phe Leu Val
 885 890 895
 Ser Val Thr Arg Leu Arg Asp Gly Leu Thr Leu Ile Ala Asp Asn Ala
 900 905 910
 Glu Lys Leu Gly Arg Ala Ile Lys Ser Asn Ser Gly Val Lys Ala Ser
 915 920 925

Ala Leu Glu Val Thr Gln Arg Leu Lys Ala Ala Ala Ala Lys Gly Leu
 930 935 940
 Ser Gln Asp Arg Asp Val Gly Ser Ala Ser Pro Ala Ser Asp Lys Pro
 945 950 955 960
 Glu Leu Thr Lys Glu Arg Val Lys Pro Phe Glu Ile Gly Ile
 965 970

<210> 113

<211> 970

<212> PRT

<213> Erythrobacter sp. NAP1

<400> 113

Met Leu Ser Val Ala Asn Val Arg Ser Pro Ser Ala Ala Ala Ser Tyr

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

Ser Ser Val Gly Asn Pro Gly Gln Thr His Arg Pro Gly Thr Asp Leu

65 70 75 80

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

85 90 95

Asp Glu Arg Ile Ile Ala Ala Tyr Arg Glu Ala Val Leu Glu Ala Leu

100 105 110

His Trp Ala Glu Lys Asn Ala Ala Glu Thr Arg Met Val Glu Lys Gly

115 120 125

Lys Thr Val Thr Gln Thr Thr Gly Asn Leu Ala Ile Gly Leu Phe Gln

130 135 140

His Asp Thr Asn Arg Asn Gln Glu Pro Asn Leu His Phe His Ala Val

145 150 155 160

Ile Ala Asn Val Thr Arg Gly Lys Asp Gly Lys Trp Arg Thr Leu Lys

165 170 175

Asn Asp Arg Leu Trp Gln Leu Asn Thr Thr Leu Asn Ser Ile Ala Met

180 185 190

Ala Arg Phe Arg Val Ala Val Glu Lys Leu Gly Tyr Glu Pro Gly Pro

195 200 205

Thr Leu Lys His Gly Asn Phe Glu Ala Arg Gly Ile Thr Arg Glu Gln

210 215 220

Val Met Ala Phe Ser Ser Arg Arg Gln Glu Val Leu Asp Ala Arg Arg

225 230 235 240

Gly Pro Gly Leu Glu Ala Gly Arg Ile Ala Ala Leu Asp Thr Arg Ala

245 250 255

Ser Lys Asp Gly Ile Glu Asp Arg Glu Ala Leu Gly Met Gln Trp Ser

260 265 270

Asp Thr Ala Lys Ser Ile Gly Leu Asp Leu Ala Pro Leu Val Glu Arg

275 280 285

Ala Arg Thr Arg Thr Leu Arg Gln Ser Ile Glu Thr Gly Arg Phe Gly

290 295 300

Ser Leu Val Glu Arg Gly Arg Ala Trp Leu Gly Arg Phe Ala Ala His

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

 325 330 335
 Gln Asp Arg Glu Thr Ile Ala Ala Ala Gln Ala Val Ala Ser Ala Val
 340 345 350
 Arg His Leu Ser Gln Arg Glu Ala Ala Phe Glu Arg Thr Ala Leu Tyr
 355 360 365
 Lys Ala Ala Leu Asp Phe Gly Leu Pro Thr Thr Ile Ala Asp Ile Glu
 370 375 380
 Lys Arg Thr Arg Ala Leu Val Arg Ser Gly Asp Leu Ile Ala Gly Lys

 385 390 395 400
 Gly Asp His Arg Gly Trp Leu Ala Ser Arg Asp Ala Val Leu Thr Glu
 405 410 415
 Gln Gln Ile Val Ser Glu Val Ala Ala Gly Arg Gly Ala Ser Ser Pro
 420 425 430
 Ala Ile Glu Arg Gly Ser Ala Thr Asp Arg Val Gln Thr Ala Ala Met
 435 440 445
 Ala Gly Gln Gly Phe Arg Leu Asn Glu Gly Gln Leu Gly Ala Ala Lys

 450 455 460
 Leu Ile Leu Thr Ser Glu Asp Arg Thr Ile Ala Val Gln Gly Ile Ala
 465 470 475 480
 Gly Ala Gly Lys Ser Ser Val Leu Lys Pro Val Thr Glu Val Leu Arg
 485 490 495
 Asp Glu Gly Arg Pro Val Ile Gly Leu Ala Ile Gln Asn Thr Leu Val
 500 505 510
 Gln Met Leu Glu Arg Asp Thr Gly Ile Gly Ser Gln Thr Leu Ala Arg

 515 520 525
 Phe Leu Gly Gly Trp Lys Lys Leu Leu Asp Asp Pro Gly Asn Ala Ala
 530 535 540
 Leu Arg Leu Glu Ala Lys Ala Ala Leu Lys Asp His Val Leu Val Leu
 545 550 555 560

Asp Glu Ala Ser Met Val Ser Asn Glu Asp Lys Glu Lys Leu Val Arg
 565 570 575
 Leu Ala Asn Leu Ala Gly Val His Arg Leu Val Leu Met Gly Asp Arg
 580 585 590
 Lys Gln Leu Gly Ala Val Asp Ala Gly Lys Pro Phe Ala Leu Leu Gln
 595 600 605
 Arg Thr Gly Thr Ala Ser Ala Glu Met Ala Thr Asn Leu Arg Ala Arg
 610 615 620
 Asp Pro Val Val Arg Glu Ala Gln Ala Ala Ala Gln Ala Gly Glu Val
 625 630 635 640
 Arg Lys Ala Leu Arg His Leu Gln Pro His Thr Val Glu Ala Lys Gly
 645 650 655
 Asp Gly Ala Leu Val Ala Ala Asp Thr Trp Leu Ala Leu Asp Lys Asp
 660 665 670
 Asp Arg Ala Arg Thr Ser Ile Tyr Ala Ser Gly Arg Ala Ile Arg Ser
 675 680 685
 Ala Val Asn Ala Ala Ile Gln Gln Gly Leu Leu Ala Asn Gly Glu Ile
 690 695 700
 Gly Pro Gly Lys Ala Glu Leu Gly Val Leu Asp Arg Val Asn Thr Thr
 705 710 715 720
 Arg Glu Glu Leu Arg His Leu Ser Ala Tyr Gln Pro Gly Arg Val Leu
 725 730 735
 Glu Val Ser Arg Lys Gln Gln Ala Leu Gly Leu Ser Ala Gly Glu Tyr
 740 745 750
 Arg Val Leu Gly Gln Asp Arg Lys Gly Arg Gln Val Glu Val Ala Asp
 755 760 765
 Lys Arg Gly Lys Arg Phe Arg Phe Asp Pro Ala Arg Ile Arg Ala Gly
 770 775 780
 Lys Gly Asp Gln Asn Leu Thr Leu His Glu Pro Arg Lys Leu Glu Ile
 785 790 795 800
 His Glu Gly Asp Arg Ile Arg Trp Thr Arg Asn Asp His Arg Arg Gly

805 810 815
 Leu Phe Asn Ala Asp Gln Ala Arg Val Val Ala Val Val Gly Gly Lys
 820 825 830
 Val Thr Phe Glu Thr Ser Lys Gly Asp Gln Val Glu Leu Lys Lys Asp

835 840 845
 Asp Pro Met Leu Lys Arg Ile Asp Leu Ala Tyr Ala Leu Asn Ala His
 850 855 860
 Met Ala Gln Gly Leu Thr Ser Asp Arg Gly Ile Ala Val Met Asp Ser
 865 870 875 880
 Arg Glu Arg Asn Leu Ser Asn Gln Lys Thr Phe Leu Val Thr Ile Thr
 885 890 895
 Arg Leu Arg Asp His Leu Thr Leu Val Val Asp Ser Ser Asp Arg Leu

900 905 910
 Gly Ala Ala Val Ala Arg Asn Lys Gly Glu Lys Ala Ser Ala Leu Glu
 915 920 925
 Val Thr Ala Gln Leu Thr Pro Thr Glu Lys Lys Asn Gly Glu Leu Asp
 930 935 940
 Gln Leu Lys Pro Glu Glu Ala Asn Lys Ala Glu Lys Glu Leu Ala Arg
 945 950 955 960
 Ser Lys Ser Lys Thr Leu Asp Phe Gly Ile
 965 970

<210> 114

<211> 978

<212> PRT

<213> Novosphingobium pentaromativorans US6-1

<400> 114

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

Glu Ala Ser Gln Phe Glu Ala Val Leu Lys Gly Met Leu Pro Asp Gly

50

55

60

Ser Arg Val Gly Ser Asp Asn Arg Ala His Arg Ala Gly Thr Asp Leu

65

70

75

80

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

85

90

95

Asp Arg Arg Ile Leu Asp Ala Tyr Gly Ala Ala Val Arg Glu Thr Leu

100

105

110

Ala Trp Ala Glu Lys Asn Leu Ala Glu Thr Arg Met Glu Val Arg Gly

115

120

125

Lys Glu Arg Val Val Ala Thr Arg Asn Leu Val Ile Gly Leu Phe Gln

130

135

140

His Asp Thr Asn Arg Asn Gln Glu Pro Asn Ala His Phe His Ala Val

145

150

155

160

Val Ala Asn Val Thr Gln Gly Pro Asp Gly Lys Trp Arg Ala Leu Arg

165

170

175

Asn Asp Lys Ile Trp Glu His Asn Thr Leu Leu Asn Ala Met Thr Met

180

185

190

Ala Arg Phe Arg Leu Ala Val Glu Lys Leu Gly Tyr Gln Val Gly Glu

195

200

205

Tyr Gly Lys His Gly Asn Phe Glu Ala Val Gly Val Pro Lys Pro Val

210

215

220

Arg Asp Ala Phe Ser Ser Arg Arg Ala Glu Ile Leu Asp Lys Leu Ser

225

230

235

240

Thr Met Glu Gly Lys Gly Leu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Asn Leu Met

245

250

255

Thr Arg Ala Asp Lys Gly Pro Val Ala Asp Arg Gln Ala Leu Val Asp

260

265

270

Gln Trp Arg Glu Ala Ala Ala Gln Leu Gly Val Asp Pro Arg Leu Val

275

280

285

Ile Ser Lys Ala Asn Ala Arg Ala Thr Thr Asp Ile Gly Ser Val Ser

290 295 300
 Gly Ile Gly Asn Ser Val Arg Ser Ile Gly Gln Arg Ala Arg Leu Leu

 305 310 315 320
 Ala Ala Thr Phe Ala Glu His Leu Gly Leu Arg Gln Gly Asp Pro Leu

 325 330 335
 Val Pro Arg Asp Met Glu Arg Arg Thr Pro Glu Gln Ile Ala Ala Val

 340 345 350
 His Ala Val Ala Ser Ala Ile Arg His Leu Gly Glu Arg Glu Ala Ala

 355 360 365
 Phe Ser Arg Thr Glu Ile Tyr Arg Ser Ala Leu Gly Phe Ala Leu Pro

 370 375 380
 Thr Thr Leu Pro Asp Ile Glu His Arg Val Asp Gln Leu Leu Arg Gln
 385 390 395 400
 Gly His Leu Gln Lys Gly Lys Gly Ala Asp Arg Asn Leu Val Thr Thr

 405 410 415
 Arg Asp Ala Ile Gly Leu Glu Gln Arg Ile Ile Ala Ala Val Glu Thr

 420 425 430
 Gly Arg Gly His Gly Ser Ala Val Val Glu Ala Asp Val Ala Gly Glu

 435 440 445
 Arg Leu Gln Ala Leu Ser Gln Leu Lys Tyr Gly Leu Thr Leu Asn Pro

 450 455 460
 Gly Gln Glu Gly Ala Gly Arg Leu Leu Leu Ala Ser His Asn Arg Ile
 465 470 475 480
 Val Ala Ile Gln Gly Val Ala Gly Ala Gly Lys Ser Thr Val Leu Lys

 485 490 495
 Pro Val Ala Asp Ile Leu Arg Glu Glu Gly Arg Ser Val Leu Gly Leu

 500 505 510
 Ala Val Gln Asn Thr Leu Val Gln Met Leu Glu Arg Asp Thr Gly Ile

 515 520 525
 Pro Ser Met Thr Val Ala Arg Phe Leu Arg Gln His Gln Gly Leu Leu

 530 535 540

Glu Gly Ala Asp Gln Ala Arg Leu Ala Glu Ala Arg Ala Ser Leu Arg
 545 550 555 560
 Gly Thr Thr Val Leu Leu Asp Glu Ala Ser Met Val Gly Asn Ala Asp

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

 625 630 635 640
 Ala Gln Gly Gly Asn Ile Asp Glu Ala Leu Arg His Leu Gly Pro His
 645 650 655
 Val Val Ala Ser Gly Asn Thr Ala Ala Val Asp Ala Ala Ala Ala Trp
 660 665 670
 Leu Ser Leu Ser Pro Ala Glu Arg Glu Val Thr Ala Ile Tyr Ala Ser
 675 680 685
 Gly Arg Asn Leu Arg Gly Gln Val Asn Glu Ala Val Gln Ile Gly Leu

 690 695 700
 Lys Ala Asn Gly Glu Leu Gly Pro Gly Ser Leu Gly Leu Thr Val Leu
 705 710 715 720
 Ser Arg Val Asn Leu Thr Arg Glu Glu Met Arg Tyr Ser Arg Ser Tyr
 725 730 735
 Ala Ala Gly Met Val Leu Glu Val Asp Arg Arg Gln Arg Gly Gln Gly
 740 745 750
 Leu Gln Lys Gly Arg Tyr Glu Val Val Glu Thr Asp Pro Thr Arg Glu

 755 760 765
 His Val Met Leu Gln Asn Glu Arg Gly Lys Arg Phe Glu Phe Arg Pro
 770 775 780
 Gly Gln Met Arg Pro Gln Gly Glu Gln Asp Pro Leu Arg Leu Phe Glu

785 790 795 800
Val Arg Pro Leu Glu Ile His Asp Gly Asp Arg Ile Arg Trp Thr Ala
 805 810 815
Thr Asp His Lys Arg Gly Leu Leu Asn Ala Asp Gln Ala Arg Ile Val

 820 825 830
Ala Val Asp Ala Lys Gly Val Thr Val Lys Thr Ser Leu Gly Ala Glu
 835 840 845
His Arg Leu Gly Leu Ser Asp Pro Met Leu Glu Arg Leu Asp Leu Ala
 850 855 860
Tyr Ala Leu Asn Ala His Met Ala Gln Gly Leu Thr Ser Asn Arg Gly
865 870 875 880
Ile Ala Val Met Asp Ser Arg Glu Arg Asn Leu Ala Asn Gln Gln Thr

 885 890 895
Phe Leu Val Thr Ile Thr Arg Leu Arg Asp Gly Leu Thr Leu Phe Val
 900 905 910
Asp Asn Ala Gly Lys Leu Glu Ala Ala Val Glu Arg Asn Pro Gly Met
 915 920 925
Lys Arg Ser Ala Leu Glu Thr Val Asn Gln Leu Arg Asp Ala Ala Ala
 930 935 940
Met Gly Gln Ala Lys Gly Lys Ala Ser Asp Arg Ser Gln Glu Pro Ala

945 950 955 960
Arg Glu Pro Pro Glu Leu Asp Arg Ser Ile Thr Lys Pro Phe Glu Ile
 965 970 975
Gly Ile

<210> 115
<211> 8
<212> PRT
<213> Artificial sequence
<220><223> RecD-like motif I of TrwC Npe
<400> 115
Gly Val Ala Gly Ala Gly Lys Ser

1 5

<210> 116

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Npe

<400> 116

His Asp Thr Asn Arg Asn Gln Glu Pro Asn Ala His Phe His

1 5 10

<210> 117

<211> 981

<212> PRT

<213> *Novosphingobium nitrogenifigens* DSM 19370

<400> 117

Met Ile Ser Phe Lys Ala Leu Pro Ser Ala Ala Ser Thr Ala Glu Tyr

1 5 10 15

Phe Ser Lys Asp Asn Tyr Tyr Thr Leu Gly Gln Ala Gln Glu Leu Ser

20 25 30

Ala Trp Thr Gly Arg Ala Ala Glu Asp Leu Gly Leu Ala Gly Arg Val

35 40 45

Asp Glu Lys Val Phe Ala Ala Leu Leu Glu Gly Lys Leu Pro Asn Gly

50 55 60

Val Gln Ile Ala Ala Ser Gln Gly Lys His Arg Ala Gly Val Asp Ile

65 70 75 80

Thr Phe Ala Ala Ser Lys Ser Val Ser Leu Leu Ala Leu Ile Gly Gly

85 90 95

Asp Glu Arg Ile Val Val Ala Met Gln Glu Ser Val Gln Ala Ala Leu

100 105 110

Thr Trp Val Glu Lys Asn Val Met Glu Ala Arg Ile Trp Asp Pro Val

115 120 125

Leu Gly Glu Gln Val Pro Glu Lys Thr Gly Asn Leu Val Ala Ala Thr

130 135 140

Phe Leu His Asp Val Ser Arg Asn Asn Asp Pro Gln Leu His Val His
 145 150 155 160
 Ser Ile Val Ala Asn Ala Thr Arg Ala Ser Asp Gly Lys Trp Arg Ala

 165 170 175
 Met Thr Asn Lys Ala Phe Tyr Glu Ala Gln His Ile Ile Ser Ala Val
 180 185 190
 Gln Asn Ala Glu Leu Arg Thr Arg Ile Glu Ala Leu Gly Tyr Glu Thr
 195 200 205
 Thr Pro Ala Lys Asn Pro Ile Asp Gly Ala Phe Glu Val Gln Gly Val
 210 215 220
 Ser Arg Glu Val Val Glu Ala Phe Ser Ser Arg Arg Leu Glu Ile Leu

 225 230 235 240
 Ala Ala Leu Ala Lys Ser Gly Arg Gly Ser Ala Ala Glu Arg Gln Ile
 245 250 255
 Val Thr Leu Asn Thr Arg Lys Asp Lys Asp Leu Thr Leu Asp Pro Glu
 260 265 270
 Gln Arg Asn Leu Gly Trp His Glu Thr Ala Arg Ser Leu Gly Phe Asp
 275 280 285
 Pro Ala Pro Leu Ile Asn Gln Ala Arg Glu Arg Ala Gly Arg Asp Gln

 290 295 300
 Thr Val Trp Thr Arg Ile Val Asp Gly Ile Arg Gly Ile Gly Ala Lys
 305 310 315 320
 Gly Met Ala Ile Ala Ala Ala Met Gly Ile Thr Pro Gly Asp Gly Asp
 325 330 335
 Pro Leu Val Pro Glu Arg Leu Gly Arg Leu Asp Pro Val Ser Tyr Ala
 340 345 350
 Ala Ala Gln Ala Val Ala Ser Ala Ala Arg Glu Leu Gly Glu Asn Glu

 355 360 365
 Ala Ala Phe Ser Arg His Asp Leu Ile Arg Thr Ala Leu Glu Arg Gln
 370 375 380
 Gly Pro Phe Thr Val Ser His Ile Glu Ala Arg Ile Asp Gln Leu Thr

385 390 395 400
 Arg Gly Gly Gln Leu Ile Gly Arg Glu Gln Met Leu Thr Ser Glu Gln
 405 410 415
 Ala Leu Ala Met Glu Ser Arg Val Ile Asp Leu Ala Glu Ala Gly Lys

 420 425 430
 Gly Ala Ile Glu Pro Ile Ala Thr Gly Val Gln Val Gly Ala Arg Leu
 435 440 445
 Gln Ala Ala Ala Arg Glu Leu Gly Leu Arg Arg Leu Asn Pro Gly Gln
 450 455 460
 Glu Arg Ala Gly Val Ala Ile Leu Thr Ser Arg Asp Arg Val His Leu
 465 470 475 480
 Ile Gln Gly Gly Ala Gly Val Gly Lys Ser Ala Ala Leu Ala Pro Val

 485 490 495
 Ala Ala Ile Ala Arg Ala Glu Gly His Gln Val Ile Ala Leu Ala His
 500 505 510
 Val Gly Arg Met Ala Arg Glu Phe Gly Ala Lys Val Asn Ala Pro Ala
 515 520 525
 Ser Thr Val Asp Gly Phe Leu Arg Lys Tyr Glu Arg Val Ile Asp Gly
 530 535 540
 Thr Ala Tyr Pro Val Lys Met Glu Ala Ala Arg Gln Ala Leu Ser Gly

 545 550 555 560
 Thr Leu Ile Met Val Asp Glu Ala Ser Gln Ile Gly Thr Asp Arg Phe
 565 570 575
 Ala Arg Leu Ile Glu Leu Ala Asn Lys Met Glu Val Ala Gly Leu Val
 580 585 590
 Phe Ala Gly Asp Lys Gly Gln Leu Pro Ala Ile Glu Arg Gly Arg Pro
 595 600 605
 Phe Ala Asp Leu Gln Arg Glu Asp Val Ala Arg Ser Ala Ile Thr Glu

 610 615 620
 Asn Leu Arg Ala Lys Thr Pro Gln Met Gln Ala Ile Asn Lys Ala Ile
 625 630 635 640

Glu Glu Gly Asp Ile Ala Gly Ala Phe Glu Ala Leu Arg Pro Thr Thr
 645 650 655
 Ser Thr Val Pro Leu Gly Lys Ala Ala Glu Thr Ala Ala Thr Met Trp
 660 665 670
 Ala Asn Leu Pro Arg Asp Glu Arg Glu Gln Thr Val Leu Leu Ala Ser
 675 680 685
 Gly Arg Ala Met Arg Thr Ala Gly Asn Ala Ala Thr Gln Arg Ala Leu
 690 695 700
 Leu Ala Lys Gly Glu Leu Gly Val Ala Lys Ala Ser Leu Lys Val Leu
 705 710 715 720
 Asp Arg Ile Thr Ile Thr Lys Glu Gly Ala Arg Gln Leu Lys Gly Tyr
 725 730 735
 Gln Asp Gly Arg Leu Val Glu Phe Thr Thr Asn Leu Pro Lys Ala Gly
 740 745 750
 Phe Ala Arg Gly Glu Ile Gly Glu Val Val Asn Val Ala Asp Gly Lys
 755 760 765
 Val Glu Leu Val Met Glu Gly Gly Glu Val Arg Ser Phe Asp Pro Ser
 770 775 780
 Arg Leu Pro Arg Asn Leu Lys His Asp Ala Val Thr Ile Tyr Glu Gln
 785 790 795 800
 Lys Gln Ile Thr Ile His Glu Gly Asp Arg Ile Arg Trp Thr Ala Lys
 805 810 815
 Asp Glu Ala Arg Glu Leu Phe Asn Gly Asp Met Ala His Val Lys Arg
 820 825 830
 Ile Asp Gly Asp Ser Ile Ile Val Arg Thr Ala Asn Gly Asp Glu His
 835 840 845
 Gln Leu Phe Gly Lys Asp Pro Met Arg Asp Arg Phe Asp Leu Ala Tyr
 850 855 860
 Ala Ile Asn Val His Ile Ala Gln Gly Ile Thr Ala Lys Ala Gly Ile
 865 870 875 880
 Val Met Met Ser Ser Leu Glu Arg Leu Leu Asn Ser Ser Arg Ala Phe

885 890 895
Val Val Ala Ala Thr Arg Ile Ala Glu Thr Ile His Leu Val Val Asp
900 905 910
Asp Pro Asn Lys Val Glu Lys Gln Val Glu Arg Asn Pro Gly Asp Lys
915 920 925
Thr Ser Ala Arg Glu Val Ala Lys Pro Thr Ser Glu Thr Asp Lys Lys

930 935 940
Ala Glu Lys Lys Asp Phe Glu Lys Glu Arg Asp Tyr Ala Lys Glu Leu
945 950 955 960
Lys Lys His Leu Gly Ile Asp Lys Met Thr Glu Ala Arg Ser Arg Asp
965 970 975

Trp Asp Met Gly Leu

980

<210> 118

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Nni

<400> 118

Gly Gly Ala Gly Val Gly Lys Ser

1 5

<210> 119

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Nni

<400> 119

Tyr Ala Ile Asn Val His Ile Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 120

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Nni

<400> 120

His Asp Val Ser Arg Asn Asn Asp Pro Gln Leu His Val His

1 5 10

<210> 121

<211> 1010

<212

> PRT

<213> Sphingomonas wittichii RW1

<400> 121

Met Leu Ser Val Ala Ser Val Arg Ser Ala Ser Gly Ala Ala Asn Tyr

1 5 10 15

Phe Ala Lys Asp Asp Tyr Tyr Thr Val Glu Gly Ser Ser Glu Ile Ser

20 25 30

Ala Trp Gly Gly Glu Gly Ala Gly Ala Leu Gly Leu Ser Gly Glu Val

35 40 45

Gly Lys Asp Ala Phe Glu Gly Met Leu Asn Gly Ile Leu Pro Ser Gly

50 55 60

Glu Gly Val Ala Gln Val Glu Asn Arg Arg Ala Gly Leu Asp Leu Thr

65 70 75 80

Phe Ser Met Pro Lys Ser Ala Ser Ile Leu Ala Tyr Val Ala Gly Asp

85 90 95

Lys Arg Ile Leu Ala Ala Asn Met Ala Ala Val Gln Lys Thr Met Ala

100 105 110

Trp Val Glu Lys Asn Leu Ala Glu Gly Arg Lys Asp Ile Gly Gly Arg

115 120 125

Thr Val Pro Val Ala Thr Gly Asn Leu Val Tyr Ala Leu Phe Gln His

130 135 140

Asp Thr Ser Arg Ala Leu Asp Pro Gln Gly His Ile His Ala Val Ile

145 150 155 160

Ala Asn Leu Thr Arg Leu Pro Asp Gly Lys Trp Gln Ala Leu His Ala

165 170 175

Asp Lys Ile Trp Ser His Asn Thr Val Ile Gly Ser Ile Tyr His Ala

180 185 190
Tyr Leu Arg Glu Gly Ile Glu Gln Leu Gly Phe Arg Ile Glu Ala Leu

195 200 205
Gly Lys His Gly Thr Phe Glu Ile Ala Gly Val Pro Arg Lys Val Ile

210 215 220
Asp Ala Tyr Ser Gln Arg Arg Glu Ala Ile Leu Glu Lys Ala Ala Ala

225 230 235 240
Leu Gly Ile Val Ser His Lys Gly Arg Asp Gln Ile Thr Thr Asn Thr

245 250 255
Arg Asp Pro Lys Leu Asn Val Lys Asp Arg Asp Ala Leu Lys Gln Glu

260 265 270
Trp Ile Asp Lys Ala Ala Ser Leu Gly Phe Asp Gly Lys Ala Leu Val

275 280 285
Glu Gly Ala Leu Ala Arg Ser Asp Arg His Gly Ala Leu Gly Pro Leu

290 295 300
Glu Arg Gly Tyr Lys Ala Val Thr Glu Ala Ile Ala Ala Gly Arg Glu

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

325 330 335
Leu Ala Arg Val Thr Gln Ser Pro Ala Ile Ala Arg Ala Gln Leu Ala

340 345 350
Val Ala Ser Ala Val Arg Ile His Ser Glu Arg Glu Ala Ala Phe Pro

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

370 375 380
Thr Ile Asp Arg Ile Glu Gln Arg Ile Gln Gln Leu Val Ala Arg Gly

385 390 395 400
Thr Leu Leu Arg Gly Gln Glu Arg Ala Ala Asp Phe Val Thr Thr Arg

405 410 415
Gln Ala Leu Ala Thr Glu Thr Gln Ile Leu Thr Gln Val Glu Ala Gly

420 425 430
Arg Gly Gln Ala Asn Pro Ile Ile Asp Ala Ser Glu Ala Pro Gly Arg

435 440 445
Leu Gln Ala Ala Ala Thr Gln Pro Leu Asn Thr Gly Gln Leu Ala Ala

450 455 460
Ala Thr Leu Ile Leu Gly Ser Ala Asp Arg Thr Val Ser Ile Gln Gly

465 470 475 480
Ile Ala Gly Ala Gly Lys Ser Thr Met Leu Gln Ala Val Ala Arg Val

485 490 495
Ala Glu Ala Glu Gly Arg Ala Ile Thr Gly Leu Ala Phe Gln Asn Lys

500 505 510
Met Val Ala Asp Leu Ala Glu Gly Ala Gly Val Pro Ala Gln Thr Ile

515 520 525
Ala Ser Phe Val Leu Ala His Glu Arg Tyr Val Ala Glu Pro Gln Gly

530 535 540
Pro Gly Tyr Asp Ala Ala Arg Ala Ala His Ala Gly Ser Met Leu Val

545 550 555 560
Val Asp Glu Thr Ser Met Val Ser Ser Asn Asp Met Leu Lys Leu His

565 570 575
Ala Ile Val Glu Thr Leu Gly Val Asp Lys Leu Val Leu Val Gly Asp

580 585 590
Arg Gln Gln Leu Ser Ser Ile Asp Ala Gly Lys Ser Phe Ala Met Ile

595 600 605
Gln Ala Ala Gly Gly Thr Leu Ala Arg Met Asp Glu Asn Ile Arg Gln

610 615 620
Arg Thr Asp Val Leu Arg Thr Val Ala Ala Leu Ala Asn Ile Gly Lys

625 630 635 640
Ala Ser Glu Ala Met Arg Val Leu Gly Asp Lys Val Ile Glu Ala Ser

645 650 655
Gln Pro Ala Glu His Ala Ala Asp Leu Trp Leu Ala Leu Asp Pro Ala

660 665 670

Glu Arg Gln Ala Thr Ala Val Phe Ala Ser Gly Arg Glu Ala Arg Ala
 675 680 685
 Ala Ile Asn Glu Arg Ile Gln Ala Gly Leu Ala Ala Glu Gly Ser Leu
 690 695 700
 Glu Gly Glu Gly Ile His Leu Thr Val Tyr Glu Arg Val Asn Thr Thr
 705 710 715 720
 Arg Glu Glu Leu Arg Tyr Ala Ala Thr Tyr Arg Ala Gly Met Thr Leu
 725 730 735
 Glu Val Gly Arg Gly Gly Gly Gln Asp Ile Gly Leu Arg Ala Gly Arg
 740 745 750
 Tyr Asp Val Leu Ala Val His Ala Asn Gly Lys Val Glu Leu Gly Glu
 755 760 765
 Gly Arg Arg Arg Ile Arg Phe Asp Pro Leu Lys Leu Ser Pro Thr Glu
 770 775 780
 Thr Arg Asp Arg Leu Gln Leu Thr Glu Lys Lys Asp Leu His Leu Arg
 785 790 795 800
 Ala Gly Asp Arg Ile Arg Trp Thr Ala Asn Asp Lys Pro Arg Gly Leu
 805 810 815
 Thr Asn Ala Ser Leu Ala Arg Val Val Ala Val Asp Arg Asp Ser Val
 820 825 830
 Thr Val Glu Thr Ala Gly Arg Asp Arg Leu Val Leu Ala Phe Gly Asp
 835 840 845
 Pro Met Leu Ser Arg Val Asp Leu Ala Tyr Ala Leu Asn Met His Met
 850 855 860
 Ala Gln Gly Ile Thr Thr Asp Lys Ala Ile Thr Val Met Asp Ser His
 865 870 875 880
 Glu Arg Asn Leu Ser Asn Gln Arg Leu Phe Asn Val Gly Val Thr Arg
 885 890 895
 Val Arg Asp Asp Leu Thr Met Val Val Asp Asp Lys Ala Lys Leu Glu
 900 905 910
 Arg Gln Leu Asp His Asn Pro Gly Asn Lys Thr Ser Ala Leu Glu Thr

915 920 925
 Leu Gly Arg Leu Glu Ile Asp Gly Pro Gly Arg Ala Gln Ala Ser Gly
 930 935 940
 Pro Phe Asp Pro Gly Pro Val Glu Gly Gly Pro Gly Pro Lys Ala Ala

945 950 955 960
 Glu Gly Leu Asp Gly Phe Pro Pro Val Pro Pro Ala Glu Gly Gln Val
 965 970 975
 Ala Ala Arg Ala Lys Ser Asp Asp Leu Ser Ala Pro Arg Leu Lys Pro
 980 985 990
 Glu Gln Ala Asp Leu Leu Pro Pro Leu Pro Glu Arg Ser Leu Gly Leu
 995 1000 1005

Asp Leu

1010

<210> 122

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Swi

<400> 122

Tyr Ala Leu Asn Met His Met Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 123

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Nni

<400> 123

His Asp Thr Ser Arg Ala Leu Asp Pro Gln Gly His Ile His

1 5 10

<210> 124

<211> 1014

<212> PRT

<213> Sphingomonas sp. KA1

<400> 124

Met His Ser Ile Ala Ala Val Arg Ser Ser Gly Gly Ala Ala Asp Tyr

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

65 70 75 80
Phe Ser Met Pro Lys Ser Ala Ser Ile Leu Ala Leu Val Ser Gly Asp
85 90 95
Arg Arg Ile Leu Asp Ala His Met Ala Ala Val Arg Ser Thr Met Ser
100 105 110
Gln Leu Val Glu Lys Gln Leu Ala Glu Gly Arg Asn Tyr Glu Arg Ser
115 120 125
Arg Ser Gly Glu Pro Glu Lys Thr Gly Asn Leu Val Tyr Ala Leu Phe

130 135 140
Ala His Asp Thr Ser Arg Ala Leu Asp Pro Gln Gly His Ile His Ala
145 150 155 160
Val Val Ala Asn Leu Thr Arg Asp Leu Lys Gly Asn Trp Lys Ala Leu
165 170 175
Trp Asn Gly Glu Ile Trp Lys Asn Asn Thr Thr Ile Gly Gln Phe Tyr
180 185 190
His Ala Ala Phe Arg Ala Gln Leu Gln Lys Leu Gly Tyr Glu Thr Glu

195 200 205
Ala Ser Gly Lys His Gly Ala Phe Glu Ile Lys Gly Val Pro Thr Ala
210 215 220
Val Ile Lys Ala Phe Ser Thr Arg Ala Asn Glu Ile Glu Ala Lys Ile
225 230 235 240

Ala Glu Thr Gly Ala Thr Arg Leu Ala Thr Lys Lys Gln Ile Thr Leu
245 250 255

Tyr Thr Arg Asp Pro Lys Leu Ala Val Glu Asp Arg Ala Ala Leu Ala
260 265 270

Glu Gly Trp Lys Thr Arg Ala Ala Glu Leu Gly Phe Asp Gly Lys Pro
275 280 285

Leu Ile Ala Glu Ala Met Ala Arg Ala Ala His Gln Val Arg Pro Thr
290 295 300

Leu Arg Glu Thr Ala Ser Gln Ala Phe Ala Glu Val Ala Glu Arg Ile
305 310 315 320

Ser Ala Ala Met Arg Pro Pro Ser Ala Leu Ala Val Ser Gly Pro Ala
325 330 335

Ala Leu Phe Leu Ser Ala Glu Thr Ile Lys Ala Gln His Ala Thr Ala
340 345 350

Ser Ala Ile Arg His Leu Ser Glu Arg Glu Ala Ala Phe Ser Pro Gln
355 360 365

Ala Ile Leu Ser Ala Ala Leu Gly Phe Gln Ile Lys Gly Leu Glu Gly
370 375 380

Gly Ala Val Ala Leu Arg Ile Gly Glu Leu Val Arg Glu Gly His Leu
385 390 395 400

Ile Pro Gly Lys Ser Asp Arg Leu Asp Gly His Tyr Asp Leu Val Thr
405 410 415

Thr Pro Ala Ala Leu Gly Arg Glu Gln Gln Ile Leu Asp Arg Ile Asp
420 425 430

Ala Gly Ala Gly Lys Gly Arg Val Phe Met Ala Pro Glu Val Ala Met
435 440 445

Val Arg Leu Gln Ala Ala Ala Arg Glu Leu Gly Ile Glu Arg Ala Gly
450 455 460

Ser Asp Gly Trp Gln Leu Asn Ala Gly Gln Leu Ala Ala Gly Val Ala
465 470 475 480

Val Leu Ser Gly Lys Asp Arg Phe Leu Asn Ile Gln Gly Val Ala Gly

485 490 495
Ala Gly Lys Ser Thr Leu Leu Gly Ala Leu Asp Lys Val Leu Ser Ala
500 505 510
Glu Gly Val Lys Leu Val Gly Leu Ala Phe Gln Asn Lys Met Val Ala

515 520 525
Asp Leu Arg Gly Gly Gly Ser Gly Met Met Thr Ala Glu Gln Met Arg
530 535 540
Glu Ala Gly Ile Glu Ala Trp Thr Ile Ala Ser Phe Val Asn Arg Tyr
545 550 555 560
Ala Gly Pro Ala Ala Gln Gly Gln Gly Glu Arg Phe Glu Thr Ala Arg
565 570 575
Thr Ala Leu Gln Asn Thr Val Ile Ile Thr Asp Glu Ser Ser Met Val

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

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

705 710 715 720
Gly Leu Val Gln Gln Gly Leu Leu Lys Glu Gly Ser Leu Ala Gly Pro
725 730 735

Gly Val Pro Phe Ser Thr Leu Gln Ser Ala Asn Ala Thr Arg Glu Glu
 740 745 750
 Met Arg Phe Ala Ser Thr Tyr Arg Pro Gly Gln Val Leu Glu Ala Arg
 755 760 765
 Met Asp Val Arg Glu Leu Gly Leu Arg Arg Gly Glu Tyr Asp Val Val
 770 775 780
 Ala Ile Gly Arg Asp Gly Lys Val Thr Leu Glu Arg Asp Gly Lys Arg
 785 790 795 800
 Lys Val Ile Asp Pro Asp Arg Ile Asp Pro Gln His Arg Phe Asp Arg
 805 810 815
 Ile Gly Leu Tyr Asp Arg Lys Asp Ile Thr Leu His Gly Gly Glu Thr
 820 825 830
 Val Phe Trp Arg Glu Lys Asp Gly Pro Arg Asp Ile Ala Lys Ser Thr
 835 840 845
 Tyr Ala Lys Val Val Ser Ala Thr Gly Gln Ala Val Thr Leu Glu Leu
 850 855 860
 Ala Asp Lys Arg Gln Ile Thr Leu Pro Ser Ser Asp Pro Met Leu Arg
 865 870 875 880
 Arg Leu Asp Leu Gly Tyr Ala Leu Asn Ala His Met Ala Gln Gly Met
 885 890 895
 Thr Gln Ala Gln Ala Ile Glu Val Ile Ser Ser Arg Gln Arg Asn Leu
 900 905 910
 Ala Thr Gln Arg Thr Gln Asn Val Leu Asn Thr Arg Ala Thr Asp Asp
 915 920 925
 Met Arg Val Val Thr Asn Asp Leu Glu Ala Leu Lys Phe Gln Leu Asp
 930 935 940
 Arg Thr Pro Gly Asn Lys Thr Ser Ala Leu Glu Thr Val Gly Arg Leu
 945 950 955 960
 Glu Val Asp Ala Arg Pro Ala Asn Pro Ile Glu Pro Arg Gln Leu Pro
 965 970 975
 Glu Leu Arg Met Ser Pro Glu Leu Lys Ala Lys Leu Asp Ala Ala Leu

980 985 990
 Gly Pro Val Ala Ala Pro Ala Val Arg Gln Leu Pro Val Pro Glu Lys
 995 1000 1005
 Ser Leu Gly Leu Asp Leu
 1010
 <210> 125
 <211> 1018
 <212> PRT
 <213> Candidatus Puniceispirillum marinum IMCC1322
 <400> 125
 Met Val Ala Ser Phe Ser Ser Leu Gly Ser Ala Ser Ala Thr Thr Gly

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

 65 70 75 80
 Leu Gly His Lys Arg Asp Gly Glu His Lys His Arg Pro Gly Phe Asp
 85 90 95
 Leu Thr Leu Ser Ala Pro Lys Ser Val Ser Leu Ala Ala Leu Leu His
 100 105 110
 Gly Asp Lys Arg Val Ile Ala Ala His Asp Ala Ala Val Lys Ala Thr
 115 120 125
 Leu Asp His Val Glu Gln Asn Tyr Leu Gln Val Arg Ile His Asp Pro

 130 135 140
 Ala Thr Gly Arg Lys Pro Arg Phe Asn Ala Pro His Leu Ile Ala Gly
 145 150 155 160
 Val Phe Arg His Glu Ala Ser Arg Asn Leu Asp Pro Gln Leu His Ser
 165 170 175

His Ala Val Ile Ala Asn Met Val Arg Asp Asn Glu Gly Lys Trp Arg
180 185 190

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

Phe Tyr Arg Asn Glu Leu Ala Gly Asn Leu Ile Glu Leu Gly Tyr Lys
210 215 220

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

Tyr Asp Lys Ala Leu Arg Asp Ala Phe Ser Thr Arg Arg Gln Asp Ile
245 250 255

Leu Lys Tyr Met Asp Glu Arg Gly Trp Glu Lys Asn Glu Lys Met Ala
260 265 270

Gln Arg Ala Ala Leu Ile Thr Arg Gly Arg Lys Asn Glu Pro Asp Arg
275 280 285

Ala Leu Met His Ala Gln Trp Gly Glu Arg Leu Ala Glu Leu Gln Arg
290 295 300

Asp Gly Ile Gly Leu Gly Ile Thr Thr Pro Arg Arg Thr Ala Ala Leu
305 310 315 320

Ala Glu Arg Val Ala Ala Met Asn Thr Pro Asp Met Arg Asn Glu Ile
325 330 335

Ala Gln Gly Ala Leu Ala Trp Ala Leu Ala His Leu Glu Glu Arg Lys
340 345 350

Thr Val Phe Thr His Pro Glu Leu Val Ala Thr Ala Leu Ser Gln Thr
355 360 365

Pro Gly Lys Thr Gly Leu Asp Glu Ile Glu Thr Gly Leu Thr Gly Leu
370 375 380

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

Asp Arg Ala Met Ala Val Leu Thr Thr Asp Arg Ala Ile Glu Thr Glu
405 410 415

Arg Asp Ile Leu Gln Arg Leu Glu His Gly Arg Gly Gly Gly Gly Ser

420 425 430
Val Pro Val Thr Arg Asp Leu Glu Gln Thr Leu Thr Ser Gly Gln Leu
435 440 445
Thr Ser Gly Gln Gln Asp Ala Ile Arg Thr Ile Leu Gln Ser Asp Asp

450 455 460
Lys Ile Ile Gly Ile Gln Gly Arg Ala Gly Thr Gly Lys Thr His Met
465 470 475 480
Leu Asn Thr Val Val Asp Leu Ala Glu Asp Ala Lys Ile Phe Gly Leu
485 490 495
Ala Pro Thr Ala Ser Ala Ala Arg Thr Leu Glu Ala Glu Ala Gln Ile
500 505 510
Pro Ala Gly Thr Leu Gln Gly Phe Leu Met Arg Asn Ala Gly Leu Ala

515 520 525
Asp Gly Ser Met Asp Pro Ala Arg Val Ala Thr Ile Lys Ala Arg Leu
530 535 540
Asp Gly Ala Ile Ile Val Val Asp Glu Ala Ser Leu Ala Ser Ala Val
545 550 555 560
Glu Met Arg Asp Leu Leu Gln Ile Thr Asp Lys Leu Asp Leu Gln Arg
565 570 575
Leu Val Leu Val Gly Asp Thr Arg Gln Leu Asn Gly Val Gly Ala Gly

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

645 650 655
Gln Trp Leu Glu Leu Gly Asp Asp Glu Arg Ala Ala Thr Leu Leu Val
660 665 670

Ala Pro Met Arg His Gln Arg Asp Glu Ile Asn Glu His Ile Arg Glu
675 680 685

Ala Leu Val Asp Asp Gly Thr Ile His Gly Asp Val Met Glu Ile Thr
690 695 700

Arg Leu Asp Ser Tyr Cys Met Thr Arg Ala Gln Lys Gln Asp Pro Ala
705 710 715 720

Asn Tyr Gln Ala Gly Asp Lys Val Val Phe Ala Val Asp Ser Asn Arg
725 730 735

Thr Gly Leu Lys Ala Asn Glu Ile Tyr Thr Val Ala Asp His Asp Glu
740 745 750

Arg Phe Val Thr Leu Val Asp Gly Asp Gly Glu Met Arg Cys Phe Asp
755 760 765

Pro Gly Gly Gly Ile Val Thr Arg Arg Asp Ile Ala Ser Arg Leu Asp
770 775 780

Val Phe Glu Pro Val Glu Met Ser Leu Gln Ala Gly Asp His Ile Arg
785 790 795 800

Trp Thr Arg Asn Asp Asn Ala Arg Gly Leu Ile Asn Ala Arg Gln Ala
805 810 815

Glu Val Thr Asp Ile Thr Ser Glu Gln Gly Ile Gln Ser Val His Met
820 825 830

Arg Thr Asn Asp Gly Arg Thr Leu Ser Leu Asp His Asp Asp Pro Gln
835 840 845

Leu Gly His Cys Asp Tyr Ala Phe Ala Ser Thr Ala His Gly Ala Gln
850 855 860

Gly Gln Thr Met Asp Arg Val Ile Ala Val Met Asp Ser Asp His Val
865 870 875 880

Ala Leu Ser Asn Gln Lys Thr Phe Tyr Val Glu Ile Ser Arg Ala Arg
885 890 895

Asp Glu Val Thr Ile Val Thr Asp Asp Arg Leu Gln Leu Ala Asp Thr
900 905 910

Leu Ala Ser Asn Ser Gly Glu Met Ala Ser Ala Leu Glu Ala Ile Gly

915 920 925
 Glu Val Thr Thr Arg Glu Ala Pro Ala Ala Pro Ala Leu Asp Val Asn
 930 935 940
 His Asp Arg Val Thr Asp Ile Ala Thr Ala Glu Met Thr Pro Thr Glu
 945 950 955 960
 Pro Met Leu Glu Arg Tyr Asp Glu Pro Pro Pro Pro Thr His Glu Ala

965 970 975
 Glu Tyr Gly Glu Thr Val Arg His Glu Pro Thr Ser Glu Asp Gly Ser
 980 985 990
 Ile Val Thr Arg Glu Arg Glu Pro Glu Pro Thr Glu Glu Lys Thr Lys
 995 1000 1005

Glu Arg Asp Ile Gly Met Glu Met Gly Leu
 1010 1015

<210> 126

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Pma

<400> 126

Gly Arg Ala Gly Thr Gly Lys Thr

1 5

<210> 127

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Pma

<400> 127

Phe Ala Ser Thr Ala His Gly Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 128

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Pma

<400> 128

His Glu Ala Ser Arg Asn Leu Asp Pro Gln Leu His Ser His

1 5 10

<210> 129

<211> 994

<212> PRT

<213> Parvularcula bermudensis HTCC2503

<400> 129

Met Val Ala Ser Ile Ala Ala Val Ser Ser Ala Ser Ala Gly Ala Ala

1 5 10 15

Tyr Tyr Gly Lys Asp Asn Tyr Tyr Ala Lys Gly Gly Asp Ala Pro Glu

20 25 30

Pro Ser Ser Trp Phe Gly Lys Gly Ala Ala Ser Leu Gly Leu Lys Gly

35 40 45

Gly Val Glu Thr Glu Thr Phe Glu Arg Val Leu Asn Gly Glu Thr Leu

50 55 60

Asp Gly Arg Arg Val Gly Gln Arg Glu Gly Glu Thr Ala Glu Gln Ala

65 70 75 80

Gln Ala Arg Ala His Arg Pro Gly Ile Asp Leu Thr Phe Ser Pro Pro

85 90 95

Lys Asp Val Ser Leu Leu Leu Tyr Ile Gly Gly Asp Lys Arg Ile Leu

100 105 110

Gly Ala His Arg Ala Ala Val Asp Gln Thr Leu Lys Trp Ala Glu Arg

115 120 125

Asn Leu Ala Gly Thr Arg Ile Arg Thr Gly Pro Ser Ala Thr Pro Ala

130 135 140

Val Lys Thr Gly Asn Leu Val Ile Ala Arg Phe Glu His Asp Ile Ser

145 150 155 160

Arg Asp Lys Asp Pro Gln Leu His Thr His Ala Val Ile Ala Asn Ile

165 170 175

Thr Lys Thr Asp Asp Gly Arg Trp Arg Ala Leu His Asn Asp Pro Phe

180 185 190

Phe Ala His Arg Lys Thr Leu Ser Leu Ala Tyr Asp Ala Thr Leu Arg

195 200 205

Asn Ala Leu Arg Glu Leu Gly Tyr Arg Val Lys Leu Glu Asp Gly Lys

210 215 220

Ser Gly Arg Tyr Ser Val Asp Gly Val Pro Asp Gly Ala Arg Ala Glu

225 230 235 240

Phe Ser Lys Gly Lys Asp Arg Ile Asp Ser Ala Ala Val Gly Leu Lys

245 250 255

His Pro Thr Pro Ser Ala Arg Asp Lys Leu Ala Val Lys Thr Arg Pro

260 265 270

Ala Lys Asp Glu Leu Arg Gln Glu Glu Arg Val Ala Leu Arg Glu Thr

275 280 285

Arg Gly Ala Pro Trp Lys Ala Thr Leu Glu His Thr Val Ala Val Ser

290 295 300

Val Glu Arg Gln Ala Gln Gly His Leu Gln Arg Pro Leu Asp Asp Arg

305 310 315 320

Ala Val Gly Arg Val Gly Met Glu Gly Leu Ala Arg Arg Met Ala Gln

325 330 335

Asn Leu Phe Arg Pro Thr Lys Thr Leu Arg Leu Ser Glu Asn Asp Pro

340 345 350

Tyr Lys Leu Glu Arg Ala Ala Ser Glu Lys Gly Tyr Ser Ala Arg Ala

355 360 365

Ala Val Ser Phe Gly Leu Arg His His Glu Glu Arg Glu Ala Ala Phe

370 375 380

Ser Leu His His Val Arg Arg Thr Ala Leu Glu His Ala Ala Asp Gly

385 390 395 400

Val Thr Leu Arg Asp Ile Asp Arg Glu Leu Arg Phe Leu Arg Ala Asn

405 410 415

Arg Lys Leu Leu Val Asn Ala Lys Asp Pro Asn Ala Glu Ser Thr Thr

420 425 430
Lys Arg Ser Leu Thr His Glu Glu Arg Thr Leu Ser Leu Leu Gln Asp

435 440 445
Ala Gly Arg Thr Gly Pro Leu Val Pro Glu Gln Thr Leu Arg Ser Ala

450 455 460
Leu Glu Ser Thr His Leu Thr Gly Gly Gln Lys Ala Ala Ile Gly Leu

465 470 475 480
Ile Leu Gly Gly Pro Asn Arg Leu Val Gly Val Gln Gly Tyr Ala Gly

485 490 495
Thr Gly Lys Thr Thr Met Met Arg Gln Thr Ala Ala Leu Ala Arg Asp

500 505 510
Leu Ala Pro Leu Ala Lys Lys Asp Gly Tyr Lys Val Leu Gly Leu Ala

515 520 525
Pro Thr His Ser Ala Arg Lys Thr Leu Glu Glu Ser Gly Gly Phe Asp

530 535 540
Ser Arg Thr Val Ser Ala Phe Leu Arg Glu Ala Gly Gly Gly Thr Leu

545 550 555 560
Pro Pro Asp Ile Lys Asn Thr Ile Val Leu Ile Asp Glu Ala Ser Phe

565 570 575
Leu Ser Thr Arg Asn Met Asn Ala Leu Leu Glu Arg Leu Ile Ala Leu

580 585 590
Lys Pro Ala Lys Ile Val Leu Ser Gly Asp Arg Arg Gln His Gly Ala

595 600 605
Val Glu Ala Gly Arg Pro Phe Asp Ile Ala Gln Arg Ala Gly Leu Pro

610 615 620
Thr Ala Ile Met Lys Asp Ile Val Arg Leu Pro Lys Asp Glu Gly His

625 630 635 640
Arg Asp Gln Arg Ala Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Gly Lys Val Ala

645 650 655
Val Ala Met Lys Arg Leu Gly Ala Asn Ile Val Glu Arg Pro Gly Asn

660 665 670

Leu Ala Gly Gly Ala Val Glu Ala Trp Arg Ala Leu Pro Lys Asp Lys
 675 680 685
 Gln Asp Lys Ala Leu Leu Val Ala Pro Ser His Arg Leu Arg Glu Ala
 690 695 700
 Ile Asn Gln Gly Ile Arg Ser Glu Leu Ile Ala Asn Gly Arg Leu Ser
 705 710 715 720
 Ala Glu Thr Met Thr Ile Ser Val Leu Arg Ser Lys Asn Leu Thr Arg
 725 730 735
 Ala Glu Ala Met Ser Pro Arg Ser Tyr Ala Ala Gly Asp Ile Leu Gln
 740 745 750
 Phe His Ala Arg Leu Asp Ala Ile Asn Ala Lys Lys Asn Thr Arg Arg
 755 760 765
 Leu Val Thr Ala Val Asp Glu Glu Arg Gly Arg Leu Thr Leu Arg Asn
 770 775 780
 Ala Arg Gly Lys Asp Gln Thr Val Pro Leu Ser Arg Leu Gln Gly Arg
 785 790 795 800
 Tyr Glu Asn Thr Pro Tyr Ser Leu His Arg Glu Glu Pro Leu Glu Leu
 805 810 815
 Arg Arg Gly Asp Ser Val Met Phe Thr Arg Ser Asn Pro Asp Ala Gly
 820 825 830
 Leu Ser Ala Met Asp Ala Ala Lys Val Val Gly Trp Asp Gln Glu Arg
 835 840 845
 Val Ser Leu Asn Val Ser Gly Thr Gln Arg Gln Phe Gly Arg Asp Asp
 850 855 860
 Pro Ala Leu Arg Ser Leu Thr His Gly Tyr Ala Met Thr Ser His Ala
 865 870 875 880
 Ala Gln Gly Arg Thr Ala Lys Asp Val Val Ala Val Met Asp Ser Lys
 885 890 895
 Glu Arg Ala Leu Thr Ser Gln Val Gly Phe Tyr Val Ser Ile Ser Arg
 900 905 910
 Ser Ala Asp Thr Leu Ala Leu Ile Val Asn Asp Lys Glu Arg Val Leu

915 920 925
 Asn Thr Met Gln Arg Gln Thr Gly Leu Lys Thr Ser Ala Met Glu Thr
 930 935 940
 Glu Gly Arg Ile Gly Asp Leu Thr Asp Leu Gly Thr His Gln Gly Thr

945 950 955 960
 Gly Thr Thr Ser Ser Leu Ser Val Pro Ala Leu Ala Ala Asp Gln Arg
 965 970 975
 Asn Glu Ala Thr Gly Asn Glu Gln Asp Ser Ser Leu Asp Gln Gly Leu
 980 985 990
 Ser Leu

<210> 130
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> RecD-like motif I of TrwC Pbe
 <400> 130
 Gly Tyr Ala Gly Thr Gly Lys Thr
 1 5

<210> 131
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> RecD-like motif V of TrwC Pbe
 <400> 131
 Tyr Ala Met Thr Ser His Ala Ala Gln Gly
 1 5 10

<210> 132
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> MobF motif III of TrwC Pbe
 <400> 132

His Asp Ile Ser Arg Asp Lys Asp Pro Gln Leu His Thr His

1 5 10

<210> 133

<211> 961

<212> PRT

<213> Acidovorax sp. JS42

<400> 133

Met Ile Ser Met Asn Asn Val Gly Ser Ala Gly Gln Ala Leu His Tyr

1 5 10 15

Phe Ser Ala Asp Asn Tyr Tyr Thr Gln Asp Glu Gly Leu Glu His Ser

20 25 30

Glu Trp Phe Gly Lys Gly Ala Glu His Leu Gly Leu Ser Gly Lys Ile

35 40 45

Asp Arg Gln Ala Phe Phe Glu Val Leu Asn Gly Lys Val Asp Gly Gln

50 55 60

Glu Leu Gly Lys Trp Val Lys Asn Glu Glu Thr Gly Glu Lys Glu Arg

65 70 75 80

Glu His Arg Pro Gly Thr Asp Met Thr Phe Ser Ala Pro Lys Ser Val

85 90 95

Ser Leu Met Ala Glu Val Tyr Gly Lys Arg Asp Val Arg Glu Ala His

100 105 110

Glu Ala Ala Val Lys Lys Ala Leu Ser His Ile Glu Thr Glu Leu Ala

115 120 125

Arg Thr Arg Gln Thr Val Asp Gly Lys Thr Glu Ala Val Gln Thr Gly

130 135 140

Asn Val Thr Val Ala Met Phe Arg His Asn Thr Ser Arg Asp Leu Asp

145 150 155 160

Pro Gln Thr His Thr His Ala Val Ile Met Asn Ala Thr Lys Arg Glu

165 170 175

Asp Gly Gln Trp Arg Ser Leu Thr Asn Glu Glu Ile Tyr Asn Ala Gln

180 185 190

Arg Val Ile Gly Ala Ile Tyr Thr Ser Glu Leu Ala Asp Arg Leu Gln
 195 200 205
 Ala Leu Gly Tyr Asp Ile Arg Arg Thr Asp Glu Lys Gly Asn Phe Glu
 210 215 220
 Ile Ala Gly Ile Thr Arg Glu Gln Ile Glu His Phe Ser Gln Arg Arg
 225 230 235 240
 Ala Glu Ile Glu Ala Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Asp Ile Asp Asp
 245 250 255

 Ala Ser Ala Gln Gln Lys Glu Asp Ala Thr Leu Lys Thr Arg Ala Arg
 260 265 270
 Lys Val Asp Val Asp His Glu Ala Leu Ile Gly Ser Trp Lys Glu Arg
 275 280 285
 Ala Lys Asp Ile Gly Ile Asp Phe Asp Ala Ile Gln Ala Lys Ala Asp
 290 295 300
 Ala Gln Arg Ala Gln Gly Gly Val Val Arg Ala Asp Lys Leu Thr Gly
 305 310 315 320

 Arg Glu Ala Met Ser Phe Ala Ala Ala His Leu Ile Glu Arg Glu Ala
 325 330 335
 Val Val Ser Lys Asn Asp Leu Met Ala Ala Ala Ile Glu His Gly Ala
 340 345 350
 Gly Arg Val Ser Ala Ser Glu Val Lys Arg Ala Phe Asp Lys Leu Glu
 355 360 365
 Lys Asp Gly Asp Leu Val Ala Leu Pro Asp Gly Asn Tyr Thr Thr Lys
 370 375 380

 Lys Met Leu Gly Ser Glu Met Trp Ala Leu Asp Gln Val Arg Ala Gln
 385 390 395 400
 Lys Gly Gln Thr Pro Lys Met Met Glu Pro Glu Ala Val Ala Ala Arg
 405 410 415
 Ile Ala Gln Ala Glu Gly Arg Gln Gly Phe Lys Tyr Ser Glu Gly Gln
 420 425 430
 Lys Glu Ala Ile Ser Lys Val Leu Thr Thr Glu Asp Arg Tyr Val Ala

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

Val Arg Glu Gly Leu Lys Glu Gln Gly Glu Leu Ser Arg Ser Glu Asp
690 695 700

Thr Arg Glu Ile Tyr Thr Ser Lys Gly Trp Thr Arg Ala Met Gln Lys
705 710 715 720

Glu Ala Gln Tyr Tyr Lys Ala Gly Asp Val Val Arg Phe Gly Arg Asp
725 730 735

Tyr Gln Gln Ile Asp Ala Lys Lys Gly Glu Tyr Met Arg Val Ser Ala
740 745 750

Val Asp Ala Pro Asn Gly Thr Val Val Leu Gln Lys Glu Asp Gly Ser
755 760 765

Val Ile Ala Trp Gln Pro Lys Lys His Asn Lys Ile Glu Val Tyr Asp
770 775 780

Arg Asp Thr Arg Glu Leu Ala Lys Gly Asp Leu Ile Arg Ile Thr Arg
785 790 795 800

Asn Glu Gly Glu Phe Lys Asn Gly Glu Val Ala Arg Val Thr Ala Val
805 810 815

Ala Gly Asp Lys Val Thr Leu Glu Leu Lys Gln Gly Lys Asp Val Ser
820 825 830

Leu His Gln Val Asp Leu Ser Arg Asn Lys His Trp Asp His Ala Tyr
835 840 845

Ala Gln Thr Val His Ala Ser Gln Gly Ala Thr Gln His Arg Ala Ile
850 855 860

Phe His Ile Arg Ala Pro Gln Thr Glu Ser Glu Lys Lys Gln Glu Arg
865 870 875 880

Ala Leu Glu Asn Met Ala Lys Val Phe Gly Asp Arg Ser Phe Tyr Val
885 890 895

Gly Ala Thr Arg Ala Ser His Glu Leu Arg Ile Tyr Thr Asn Asp Lys
900 905 910

Ala Val Ala Ala Lys Ala Val Ala Ala Lys Gln Asp Lys Thr Ser Ala
915 920 925

Val Glu Thr Leu Arg Gln His Glu Arg Ala Thr Ala Ile Thr Ala Asp

930 935 940
 Lys Ala Gly Gln Arg Pro Val Ser Pro Gln Arg Asn Gly Asp Val Gln
 945 950 955 960

Arg

<210> 134

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Ajs

<400> 134

Tyr Ala Gln Thr Val His Ala Ser Gln Gly

1 5 10

<210> 135

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Ajs

<400> 135

His Asn Thr Ser Arg Asp Leu Asp Pro Gln Thr His Thr His

1 5 10

<210> 136

<211> 936

<212> PRT

<213> Caulobacter crescentus NA1000

<400> 136

Met Gly Arg Arg Gln Ile Pro Gly Cys Arg Ala Arg Val Gln Leu Glu

1 5 10 15

Arg Arg Arg Thr Gly Leu Met Val Ala Ser Leu Ser Ser Leu Ser Ser

20 25 30

Ser Ala Gln Ala Ser Ser Tyr Tyr Glu Ala Asp Asp Tyr His Ala Glu

35 40 45

Gly Gly Ala Ala Pro Ser Arg Trp Gln Gly Ser Gly Ala Ala Ala Leu

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

Ala Asp Gly Leu Gly Phe Ser Ser Glu Ala Arg Arg Ser Leu Leu Thr
305 310 315 320

Glu Ala Leu Asp Arg Ala Glu Ala Ser Lys Ala Ile Arg Asp Arg Gly
325 330 335

Ala Val Leu Ala Gln Asp Ala Val Arg Phe Ala Ala Glu Lys Leu Gly
340 345 350

Glu Arg Gln Ala Ile Phe Ser Arg Ala Glu Leu Glu Arg Glu Ala Gly
355 360 365

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

Asp Lys Arg Gln Gln Ser His Gln Leu Glu Ala Arg Ala Leu Arg Ser
385 390 395 400

Pro Ile Gly Leu Asp Leu Glu Gly Phe Thr Thr Asp Arg Ala Ile Ala
405 410 415

His Glu Lys Arg Leu Leu Glu Ile Glu Arg Glu Gly Arg Asn Ala Leu
420 425 430

Ala Pro Ile Val Pro Pro Ile Glu Ala Ser Arg Ile Ile Asn Ala Ala
435 440 445

Ser Leu Ala Ala Ser Glu Arg Gly Leu Ala Trp Ser Asp Asp Gln Arg
450 455 460

Arg Ala Thr Lys Ala Val Leu Thr Ser Arg Ser Ala Val Val Gly Val
465 470 475 480

Gln Gly Phe Ala Gly Thr Ala Lys Thr Thr Thr Val Leu Ala Thr Leu
485 490 495

Ala Lys Ala Ala Ala Glu Gln Gly Tyr Gln Val Lys Ala Leu Ala Pro
500 505 510

Ser Ala Ser Ala Ala Ile Thr Leu Gly Glu Ala Leu Asp Leu Glu Gly
515 520 525

Arg Thr Ile Ala Arg His Leu Val Glu Arg Pro Asn Ala Arg Pro Ser
530 535 540

Ala Arg Glu Leu Trp Ile Val Asp Glu Ala Ser Leu Val Ser Ala Arg

545 550 555 560
 Asp Met Ala Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gln Arg Arg Gly Ala Arg Thr
 565 570 575

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

 Gly Gly Gln Ile Ile Glu Ala Gln Ser Val Glu Asp Arg Gln Ala Leu
 645 650 655
 Ile Ala Ala His Phe Ala Gln Leu Asp Ser Ala Gln Arg Arg Arg Thr
 660 665 670
 Leu Ile Ile Asp Pro Ser Arg Glu Gly Arg Glu Gln Leu Thr Ala Arg
 675 680 685
 Ile Arg Ala Glu Leu Ile Ala Ala Gly His Leu Gly Lys Ala Ala Val
 690 695 700

 Thr Val Thr Ser Leu Val Ala Lys Asp Leu Thr Gln Ala Glu Arg Lys
 705 710 715 720
 Glu Ala Gly Ser Tyr Ala Pro Gly Asp Ile Val Thr Phe Ala Arg Thr
 725 730 735
 Leu Thr Gly Lys Ala Val Ala Lys Asp Thr Ala Tyr Glu Val Gln Ala
 740 745 750
 Val Asp Ala Arg Arg Arg Thr Val Thr Leu Ser Asp Gly Arg Asp Ala
 755 760 765

 Arg Ile Asp Trp Ala Pro His Arg Trp Gly Ser Ala Glu Ala Phe Glu
 770 775 780
 Pro Val Asp Arg Glu Leu Arg Gln Gly Asp Arg Ile Glu Phe Thr Arg
 785 790 795 800

Asn Asn Met Arg Leu His Gln Val Asn Gly Leu Gln Gly Glu Ile Val
805 810 815
Ser Leu Asp Val Glu Ala Arg Lys Ala Gln Val Arg Thr Asp Arg Gly
820 825 830

His Ile Arg Thr Leu Asp Leu Asn Ala Leu Gln Asp Arg His Phe Arg
835 840 845
His Ala Tyr Val Gln Thr Ala Phe Ala Ala Gln Gly Arg Thr Thr Asp
850 855 860
His Val Leu Phe His Ala Glu Ser Gln Arg Ser Asn Leu Ile Asp Gln
865 870 875 880
Ala Thr Leu Tyr Val Ala Ile Ser Arg Ala Arg His Gly Ala Thr Ile
885 890 895

Val Thr Asp Asp Arg Ala Lys Val Ile Arg Gly Val Glu Ala Arg Ser
900 905 910
Gly Arg Arg Leu Thr Ala Leu Gly Ala Glu Gly Ser Gly Arg Glu Ala
915 920 925
Gly Leu Asp Gln Asp Ala Gly Leu
930 935

<210> 137

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Ccr

<400> 137

Gly Phe Ala Gly Thr Ala Lys Thr

1 5

<210> 138

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Ccr

<400> 138

Tyr Val Gln Thr Ala Phe Ala Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 139

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Ccr

<400> 139

His Glu Thr Ser Arg Ala Gln Asp Pro Gln Leu His Thr His

1 5 10

<210> 140

<211> 936

<212> PRT

<213> Sphingopyxis alaskensis RB2256

<400> 140

Met Val Ala Ser Val Ser Ala Leu Thr Ser Ser Ala Gln Ala Ser Ser

1 5 10 15

Tyr Tyr Glu Ala Asp Asp Tyr Tyr Ala Glu Gly Gly Leu Ser Pro Ser

20 25 30

Glu Trp Gln Gly Lys Gly Ala Glu Glu Leu Gly Leu Ser Gly Asp Val

35 40 45

Asp Arg Asp Gln Phe Arg Glu Leu Leu Asp Gly Lys Val Ala Gly Gln

50 55 60

Gln Leu Gly Thr Val Arg Asp Gly Gln Leu Glu His Arg Pro Gly Trp

65 70 75 80

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

85 90 95

Ala Gly Asp Arg Arg Leu Ile Glu Ala His Gly Gln Ala Val Lys Thr

100 105 110

Thr Leu Ala His Ile Glu Ala His Met Ala Ala Thr Arg Val Arg His

115 120 125

Gly Gly Ser Val Thr Arg Glu Ala Thr Gly Asn Leu Val Val Ala Gly

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

Thr Thr Ser Gln Asn Ile Ala Ala Glu Lys Thr Leu Leu Arg Ile Glu
385 390 395 400
Ala Arg Gly Arg Gly Ala Leu Ala Pro Ile Ala Ser Pro Leu Ala Ala
405 410 415
Ala Lys Ala Val Ala Gly Ala Ala Ala Gln Ala Glu Arg Ser Gly Phe
420 425 430
Gly Trp Asn Pro Asp Gln Lys Ala Ala Thr Glu Gln Leu Leu Thr Ser
435 440 445

Arg Asn Arg Val Thr Ala Val Gln Gly Tyr Ala Gly Thr Ala Lys Thr
450 455 460
Thr Thr Val Leu Ala Thr Phe Ala Arg Glu Ala Glu Ala Arg Gly Val
465 470 475 480
Ser Val Val Ala Leu Ala Pro Thr Ala Ser Ala Ala Met Thr Leu Gly
485 490 495
Glu Ala Leu Gly Thr Arg Gly Asp Thr Val Ala Arg His Leu Leu Ala
500 505 510

Pro Glu Asp Ser Ala Pro Gly Gln Pro Val Ala Trp Ile Val Asp Glu
515 520 525
Ala Ser Leu Leu Ser Ala Arg Asp Thr Ala Arg Leu Phe Glu Leu Ala
530 535 540
Glu Gln His Asp Ala Arg Ile Ile Leu Val Gly Asp Val Lys Gln Leu
545 550 555 560
Gly Ser Val Glu Ala Gly Ala Ala Phe Ala Gln Leu Gln Gly Val Gly
565 570 575

Met Glu Thr Ala Lys Leu Gly Glu Ile Val Arg Gln Ser Asn Ala Ala
580 585 590
Thr Lys Glu Ala Val Leu Ala Ser Ile Glu Gly Asp Ala Lys Lys Ala
595 600 605
Leu Ala Ala Leu Asp Arg Gly Gly Gly Gln Ile Val Glu His Ala Asp
610 615 620
Arg Ser Gly Arg Phe Ala Ala Ile Ala Asp Arg Tyr Ala Gly Leu Asp

625					630								635								640
Lys	Ala	Ala	Arg	Thr	Arg	Thr	Leu	Val	Ile	Glu	Pro	Ser	Arg	Glu	Gly						
				645								650								655	
Arg	Asp	Ala	Leu	Thr	Ala	Gly	Ile	Arg	Thr	Ala	Leu	Val	Asn	Ser	Gly						
				660								665								670	
Ala	Leu	Ser	Gly	Pro	Ala	Val	Thr	Met	Glu	Ser	Leu	Val	Asn	Lys	Gly						
				675								680								685	
Leu	Thr	Arg	Ala	Glu	Ala	Arg	Asp	Pro	Leu	Ser	Tyr	Asp	Arg	Gly	Asp						
				690								695								700	
Val	Val	Arg	Phe	Thr	Arg	Asp	Tyr	Ala	Asp	Lys	Gly	Val	Ala	Arg	Gly						
				705								710								715	
Asp	Ala	Tyr	Arg	Val	Glu	Ala	Val	Asn	Pro	Ala	Lys	Ala	Ala	Ile	Ala						
				725								730								735	
Leu	Arg	Ser	Glu	Asp	Gly	Arg	Glu	Val	Asp	Trp	Arg	Leu	Arg	Gln	Trp						
				740								745								750	
Gly	Ala	Gly	Lys	Val	Gln	Val	Phe	Ala	Pro	Gln	Asn	Ile	Asp	Leu	Arg						
				755								760								765	
Thr	Gly	Asp	Ser	Ile	Arg	Phe	Thr	Arg	Asn	Asp	Arg	Asp	Ala	Gly	Arg						
				770								775								780	
Ile	Asn	Gly	Ala	Arg	Gly	Glu	Val	Ile	Ala	Val	Asp	Glu	Gln	Ala	Arg						
				785								790								795	
Thr	Ala	Thr	Val	Leu	Gly	Ala	Arg	Gly	Gln	Val	Gln	Thr	Leu	Asp	Leu						
				805								810								815	
Asp	Ala	Val	Arg	Asp	Arg	His	Ile	Ala	His	Ala	Tyr	Val	Asp	Thr	Ala						
				820								825								830	
Phe	Ala	Ala	Gln	Gly	Arg	Thr	Ala	Asp	His	Val	Ile	Ile	His	Ala	Asp						
				835								840								845	
Ser	Lys	Ala	Thr	Asn	Leu	Val	Asp	Gln	Lys	Ser	Phe	Tyr	Val	Gly	Ile						
				850								855								860	
Ser	Arg	Ala	Lys	Glu	Ser	Ala	Thr	Ile	Val	Thr	Asp	Asp	Arg	Ala	Lys						
				865								870								875	
																				880	

Leu Thr Ser Ala Ile Asn Glu Arg Ala Gly Ala Val Gln Thr Ala Leu
885 890 895

Ser Gln Ala Pro Ala Ala Gly Ala Gly Met Val Gln Ser Ala Ile Ala
900 905 910

Ala Pro Ala Ala Asp Lys Ala Ile Ser Ala Ala Val Ser Gln Ala Ala
915 920 925

Thr Ser Leu Pro Gly Met Gly Leu
930 935

<210> 141

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Sal

<400> 141

Gly Tyr Ala Gly Thr Ala Lys Thr
1 5

<210> 142

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Sal

<400> 142

Tyr Val Asp Thr Ala Phe Ala Ala Gln Gly
1 5 10

<210> 143

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Sal

<400> 143

His Gly Thr Ser Arg Ala Gln Asp Pro Gln Leu His Thr His
1 5 10

<210> 144

<211> 927

<212> PRT

<213> *Acetobacter tropicalis* NBRC 101654

<400> 144

Met Val Ala Thr Val Ser Gly Leu Thr Asn Ala Ala Gln Ala Ser Ala

1 5 10 15

Tyr Tyr Glu Ala Glu Asp Tyr Tyr Ser Glu Asp Gly Asn Ala Pro Ser

20 25 30

Val Trp Leu Gly Lys Gly Ala Ala Glu Leu Gly Leu Phe Gly Glu Ile

35 40 45

Asp Gln Glu Ala Phe Thr Arg Leu Leu His Gly Glu Ile Thr Glu Asp

50 55 60

His Arg Leu Gly Thr Ser Arg Asp Gly Glu Trp Ser His Arg Pro Gly

65 70 75 80

Trp Asp Leu Thr Phe Ser Ala Pro Lys Ser Val Ser Val Met Ala Glu

85 90 95

Val Ala Gly Asp Arg Arg Leu Ile Glu Ala His Glu Ala Ala Val Gln

100 105 110

Arg Thr Leu Ser Leu Ala Glu Gln His Leu Ala Ala Thr Arg Ile Arg

115 120 125

Glu Asp Gly Glu Val Arg Arg Glu Val Thr Gln Asn Leu Val Ile Ala

130 135 140

Ser Phe Arg His Gly Thr Ser Arg Ala Leu Asp Pro Gln Leu His Ser

145 150 155 160

His Asn Val Ile Leu Asn Met Thr Gln Asp His Asp Gly Gln Trp Arg

165 170 175

Ser Leu Glu Pro Arg Ala Leu Tyr Gln Leu Gln Lys Gln Leu Gly Ala

180 185 190

Leu Tyr Arg Gln Glu Leu Ala His Glu Val Thr Glu Leu Gly Tyr Glu

195 200 205

Ile Thr Lys Gly Lys Asp Ser Ser Phe Glu Ile Ala Gly Leu Ser Pro

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

Tyr Ala Gly Thr Ala Lys Thr Ser Thr Val Leu Ala Thr Val Ala Lys
 465 470 475 480
 Ser Ala Glu Ala Gln Gly Tyr Arg Val Thr Ala Leu Ala Pro Thr Ala
 485 490 495
 Ser Ala Ala Gln Val Leu Gly Asp Ala Leu Asp Ser Arg Ala Asp Thr
 500 505 510

 Leu Ala Arg His Leu Leu Ala Pro Gly Arg Pro Ser Ser Gln Pro Gln
 515 520 525
 Leu Trp Ile Val Asp Glu Ala Ser Leu Val Ser Ala Lys Asp Met Ala
 530 535 540
 Lys Leu Leu Ser Thr Ala Gln Ser His Arg Ala Arg Val Leu Leu Val
 545 550 555 560
 Gly Asp Ile Lys Gln Leu Gly Ser Ile Glu Ala Gly Ala Ala Phe Glu
 565 570 575

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

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

 Ser Tyr Glu Leu Gly Asp Ile Val Arg Phe Ala Lys Asp Tyr Ala Asp

705 710 715 720
 Lys Gly Val Ser Arg His Gly Ala Tyr Arg Val Ile Gln Ala Asp Glu
 725 730 735
 Ala Lys Asn Val Leu Thr Leu Gln Asp Glu Arg Gly Arg Glu Leu Ala
 740 745 750
 Trp His Pro Arg Gln Trp Gly Ala Ala Gln Ala Gln Val Tyr Arg Glu
 755 760 765

 Glu Ala Leu Glu Leu Arg Val Gly Asp Arg Val Gln Phe Thr Arg Asn
 770 775 780
 Asp Lys Ala Ala Lys Arg Val Asn Gly Gln Leu Gly Glu Val Ile Thr
 785 790 795 800
 Ile Asp Pro Asp Arg Gly Leu Ala Arg Val Lys Leu Gln Gly Asn Arg
 805 810 815
 Ile Glu Thr Leu Asn Leu Glu Ser Ala Arg Asp Arg His Phe Ser His
 820 825 830

 Ala Tyr Ala Ser Thr Ala Phe Ala Ala Gln Gly Arg Thr Ala Glu Arg
 835 840 845
 Val Phe Ala Asn Ala Glu Ser Ser Ala Thr His Leu Leu Glu Gln Lys
 850 855 860
 Ser Phe Tyr Val Ala Leu Ser Arg Ala Lys Val Glu Ser Val Leu Tyr
 865 870 875 880
 Thr Asp Asp Arg Ser Lys Met Gln Val Gly Leu Gln Glu Arg Ala Gly
 885 890 895

 Ile Ala Thr Arg Ala Leu Lys Glu Arg Gly Ala Asp Met Gln Asp Gly
 900 905 910
 Lys Gln Lys Ala Gln Glu Lys Ala Gln Ala Ala Ser Leu Ala Leu
 915 920 925

 <210> 145
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> RecD-like motif V of TrwC Atr

<400> 145

Tyr Ala Ser Thr Ala Phe Ala Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 146

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Atr

<400> 146

His Gly Thr Ser Arg Ala Leu Asp Pro Gln Leu His Ser His

1 5 10

<210> 147

<211> 917

<212> PRT

<213> Acidobacterium capsulatum

<400> 147

Met Leu Thr Ile Ser Lys Pro Leu Ser Ser Thr Gln Ala Gln Thr Tyr

1 5 10 15

His Ala Lys Glu Phe Thr Ala Ala Glu Gln Asn Tyr Trp Lys Gln Glu

20 25 30

Asp Ile Ile Gln Gly Glu Trp Arg Gly Gln Leu Ala Glu Lys Phe Glu

35 40 45

Leu Ser Gly Ala Val Gly Gly Gln Glu Phe Ala Arg Leu Ala Glu Gly

50 55 60

Gln His Pro Gln Thr Gly Glu Gln Leu Val Arg His Arg Ala Val His

65 70 75 80

Glu Tyr Lys Thr Glu Asp Gly Arg Thr Val Thr Pro Val Glu His Arg

85 90 95

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

100 105 110

Ala Leu Val Gly Gly Asp Ser Glu Val Arg Glu Ala His Arg Lys Ala

115 120 125

Val Ala Phe Ala Leu Ala Glu Leu Glu Arg Tyr Thr Gln Val Arg Ile
130 135 140

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

Phe Glu His Asp Thr Ala Arg Pro Val Gly Gly Tyr Ala Ala Pro Gln
165 170 175

Leu His Thr His Ala Val Val Phe Asn Met Thr Glu Cys Glu Asp Gly
180 185 190

Thr Ile Arg Ala Leu Gln Pro Arg Ser Leu Phe Glu Thr Gln Gln Phe
195 200 205

Ala Thr Ala Val Tyr Gln Ser His Leu Thr Tyr Gln Leu Arg Ser Leu
210 215 220

Gly Tyr Glu Ile Glu Pro Gly Arg Ser Gly Ala Pro Glu Ile Lys Gly
225 230 235 240

Tyr Ser Gln Glu Tyr Leu Asp Ala Ser Ser Pro Arg Arg Gln Gln Ile
245 250 255

Val Glu Ala Val Ala Arg Ser Gly Phe Ser Gly Pro Glu Ala Ala Gln
260 265 270

Ile Ala Ala His Asn Thr Arg Asp Gly Lys Gln Ile Leu Ser Pro Arg
275 280 285

Glu Val Val Ala Ala His Arg Gln Ile Ala Ala Glu Phe Gly Asn Gln
290 295 300

Ala Asp Thr Val Ile Ala Glu Ala Arg Ser Arg Arg Gln Glu Gln Ala
305 310 315 320

Arg Glu Asn Pro Pro Asp Glu Arg Lys Gln Gln Val Asn Ser Ala Val
325 330 335

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

Arg Ala Ile Leu Val Asp Ala Met Arg Lys Gly Met Gly Glu Met Thr
355 360 365

Tyr Pro Glu Val Arg Ala Gly Phe Glu Ala Arg Val Arg Ser Gly Glu

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

Glu Ile Val Asp Pro Glu Gln Arg Ile Ser Ala Ile Ala Lys Ala Tyr
 625 630 635 640
 Ala Met His Pro Glu Lys Thr Ile Ile Val Ser Pro Asp Asn Ala Ser
 645 650 655
 Arg Arg Ala Ile Asn Gln Ala Val Arg Gln Thr Leu Gln Ser Leu Gly
 660 665 670

 Arg Leu Asp Ala Glu Asp Arg Ser Ile Asn Val Leu Thr Pro Arg Ser
 675 680 685
 Asp Met Thr Gly Ala Asp Arg Ala Trp Ala Ala Arg Tyr Gln Pro Gly
 690 695 700
 Asp Val Leu His Tyr Ile Arg Gly Ser Lys Glu Leu Gly Ile Glu Gly
 705 710 715 720
 Gly Ser Tyr Ala Glu Val Ile Ala Ala Thr Pro Lys Asp Asn Leu Val
 725 730 735

 Thr Ile Arg Lys Ser Asp Gly Glu Leu Val Thr Tyr Asp Pro Ser Arg
 740 745 750
 Leu His Gly Ile Ser Ala Tyr Lys Glu Ile Glu Arg Glu Phe Ala Ile
 755 760 765
 Gly Asp Arg Val Gln Leu Thr Ala Pro Asn Arg Asp Leu Gln Val Ala
 770 775 780
 Asn Arg Asp Leu Gly Thr Leu Lys Ser Phe Asp Asp Ala Gly Arg Ile
 785 790 795 800

 Thr Leu Arg Met Asp Ser Gly Lys Asp Val Ser Phe Asp Pro Arg Asp
 805 810 815
 Met Arg His Phe Asp His Gly Tyr Ala Val Thr Ser Tyr Ser Ala Gln
 820 825 830
 Gly Leu Thr Ser Glu Arg Val Leu Val Asn Met Asp Ile Glu Val His
 835 840 845
 Pro Glu Leu Ile Asn Gly Arg Phe Ala Tyr Val Ser Val Ser Arg Ala
 850 855 860

 Ser Gln Glu Ala Gln Ile Phe Thr Asn Asp Ala Ser Asn Leu Ala Glu

865 870 875 880
 Ser Leu Ser Arg Asp Val Ser Lys Thr Ser Ala Ile Pro Ala Pro Arg
 885 890 895
 Pro Glu Leu Ile Gln Asp Arg Ala Glu Thr Arg Ser Ile Gly Leu Gly
 900 905 910
 His Ala Leu Ser His
 915
 <210> 148
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220
 ><223> RecD-like motif I of TrwC Aca
 <400> 148
 Gly Ser Ala Gly Ser Gly Lys Thr
 1 5
 <210> 149
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> RecD-like motif V of TrwC Aca
 <400> 149
 Tyr Ala Val Thr Ser Tyr Ser Ala Gln Gly
 1 5 10
 <210> 150
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Artificial sequence
 <220><223> MobF motif III of TrwC Aca
 <400> 150
 His Asp Thr Ala Arg Pro Val Gly Gly Tyr Ala Ala Pro Gln Leu His
 1 5 10 15
 Thr His

<210> 151

<211> 1184

<212> PRT

<213> *Granulicella tundricola*

<400> 151

Met Leu Thr Ile Ser Lys Ala Ile Ser Ser Ala Gln Ala Gln Thr Tyr

1 5 10 15

His Lys Leu Glu Tyr Thr Ser Asp Ala Gln Ser Tyr Tyr Lys Gln Asp

20 25 30

Glu Thr Val Lys Gly Glu Trp Gln Gly Lys Leu Ala Ala Ser Leu Gly

35 40 45

Leu Ser Gly Glu Val Ala Pro Leu Glu Phe Ser Arg Leu Thr Glu Gly

50 55 60

Ile His Pro Gln Thr Glu Ala Gln Met Val Arg His Arg Glu Gly Gln

65 70 75 80

Glu Tyr Thr Asn Ala Asp Gly Ser Val Thr Lys Pro Val Gln His Arg

85 90 95

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

100 105 110

Ala Leu Val Gly Gly Asp Glu Arg Val Thr Glu Ala His Arg Ala Ala

115 120 125

Val Thr Thr Ala Leu Glu Glu Leu Glu Lys Tyr Thr His Ala Arg Ile

130 135 140

Gly Gly Asn Asn Pro Ala Glu Val Thr Gly Lys Phe Val Ala Ala Lys

145 150 155 160

Phe Glu His Asp Thr Ala Arg Pro Val Asn Gly Tyr Ala Ala Pro Gln

165 170 175

Leu His Thr His Ala Ile Ile Phe Asn Val Thr Gln Arg Glu Asp Gly

180 185 190

Ser Thr Arg Ala Ile Gln Glu Arg Thr Phe Phe Glu Ser Gln Asn Tyr

195 200 205

Ala Thr Ala Val Tyr Gln Ser Val Leu Thr His Gln Leu Arg Lys Leu

210 215 220
 Gly Tyr Glu Ile Glu Pro Gly Gln Ser Gly Ala Pro Gln Ile Leu Gly
 225 230 235 240

 Phe Thr Gln Ala Tyr Leu Asp Ala Ser Ser Pro Arg Ser Arg Gln Ile
 245 250 255
 Lys Glu Gln Met Glu Arg Val Gly Phe Gln Gly Pro Glu Ala Ala Gln
 260 265 270
 Ile Ala Ala His Ala Thr Arg Asp Arg Lys Gln Thr Leu Thr Pro Ala
 275 280 285
 Glu Val Leu Ala Ala His Lys Glu Met Ala Lys Asp Phe Gly Asp Gln
 290 295 300

 Pro Glu Arg Val Val Ala Asp Ala Arg Glu Arg Ala Leu Thr Gln Ala
 305 310 315 320
 Gln Glu Ile Ser Val Gln Pro Asp Ser Arg Gly Ala Val Ala Phe Ala
 325 330 335
 Lys Glu Lys Val Phe Glu Arg Glu Ala Val Ala Asp Glu Arg Leu Ile
 340 345 350
 Met Arg Glu Ala Leu Arg Arg Gly Met Gly Glu Val Ser Phe Ser Asp
 355 360 365

 Val Gln Ser Glu Phe Gln Arg Arg Gln Ala Glu Gly Glu Phe Arg Ser
 370 375 380
 Val Gln Gly Gln Lys Tyr Ala Ser Gly Arg Ser Phe Thr Thr Pro Glu
 385 390 395 400
 Thr Ile Ala Asp Glu Arg Ala Asn Val Gln His Val Leu Asn Gly Gln
 405 410 415
 Gly Ala Ser Ala Pro Met Leu Ser Thr Ala Ala Ala Glu Arg Gln Ala
 420 425 430

 Thr Ser Arg Asp Phe Leu Asn Glu Ala Gln Gln Thr Ala Ile Arg Glu
 435 440 445
 Val Leu Thr Ser Thr Asp Arg Ile His Gly Phe Gln Gly Leu Ala Gly
 450 455 460

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

Gly Asn Tyr Lys Val Glu Gly Phe Ala Pro Thr Ser Lys Ala Ala Gly
485 490 495

Gln Leu Arg Glu Ala Gly Ile Glu Ala Asn Thr Leu Gln Ser Phe Leu
500 505 510

Ala Arg Gln Lys Ala Pro Asp Ser Ser Arg His Leu Tyr Met Leu Asp
515 520 525

Glu Ser Ser Leu Ala Ser Thr Lys Gln Met Arg Ala Phe Leu Glu Lys
530 535 540

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

Gln Gly Val Asp Ala Gly Arg Pro Phe Gln Gln Met Gln Glu Ala Gly
565 570 575

Met Gln Thr Ser Lys Leu Asp Thr Ile Met Arg Gln Lys Asp Pro Glu
580 585 590

Leu Leu Arg Ala Val Gln His Leu Ala Thr Asn Glu Thr Glu Met Gly
595 600 605

Ile Ala Leu Leu Thr Gln Gln Gly Arg Val Thr Glu Leu Ala Asn Ala
610 615 620

Ser Glu Arg Ile Ala Ala Ile Ala Arg Asp Tyr Ala Ala Lys Pro Glu
625 630 635 640

Asn Thr Leu Ile Val Ser Pro Asp Asn Arg Ser Arg Gln Gln Ile Asn
645 650 655

Glu Ala Val Arg Gly Glu Leu Leu Lys Ala Gly Lys Leu Ala Glu Asp
660 665 670

Gly Arg Gln Phe Leu Thr Leu Ser His Arg Ser Asp Met Thr Gly Pro
675 680 685

Asp Arg Thr Trp Ala Ala Met Tyr Arg Pro Gly Asp Val Val Gln Tyr
690 695 700

Glu Arg Gly Ser Lys Ala Glu Gly Ile Glu Arg Gly Ser Phe Gly Val

705	710	715	720
Val Arg Ser Ser Asp Ala Ala Thr Asn Arg Leu Thr Val Glu Leu Pro			
	725	730	735
Asn Gly Val Asn Val Glu Tyr Asp Pro Lys Arg Val Tyr Gly Val Asn			
	740	745	750
Val Tyr Arg Glu Thr Ser Arg Glu Phe Ala Thr Gly Asp Arg Leu Gln			
	755	760	765
Phe Ser Ala Ile Tyr Lys Asp Leu Gly Ile Ser Asn Arg Asp Met Gly			
	770	775	780
Thr Ile Thr Arg Met Glu Pro Asp Arg Leu Thr Val Leu Met Asp Gly			
785	790	795	800
Lys Glu Gln Arg Ser Val Ser Phe Asn Pro Ile Glu Phe Arg Gln Phe			
	805	810	815
Asp His Gly Tyr Ala Val Thr Ser His Ser Ser Gln Gly Leu Thr Thr			
	820	825	830
Asp Arg Val Ile Ala Asn Ile Asp Thr Glu Ser Ser Arg Ser Leu Ile			
	835	840	845
Asn Asn Arg Leu Ala Tyr Val Ala Ile Ser Arg Ala Ser Glu Asp Ala			
	850	855	860
Arg Ile Tyr Thr Asn Asp Ala Ala Thr Leu Gly Gln Arg Leu Ala Thr			
865	870	875	880
Asp Val Thr Lys Thr Ala Ala Leu Asp Phe Thr Ala Lys Pro Glu Pro			
	885	890	895
Arg Ala Thr Gln Glu Ala Ser Lys Ala Arg Thr Val Ala Val His Glu			
	900	905	910
Tyr Lys Asn Ser Asp Ser Arg Leu Ala Ala Val Ala Thr Glu Tyr Val			
	915	920	925
Ser Arg Pro Glu Arg Ser Val Ile Val Ala Leu Asp Arg Ala Glu Arg			
	930	935	940
Glu Gln Leu Thr Gln Leu Val Arg Ala Asp Leu Tyr Ala Gln Gly Lys			
945	950	955	960

Leu Gly Arg Asp Ala Gln Ala Ile Ser Val Leu Ile Glu Lys Ala Thr
 965 970 975
 Gly Asn Lys Met Arg Val Asp Ser Tyr Gln Pro Gly Glu Lys Ile Gln
 980 985 990
 Tyr Lys Thr Gly Ser Pro Gly Leu Asn Gly Ile Pro His Glu Ser Gln
 995 1000 1005

 Ala Thr Val Val Ser Thr Thr Ser Arg Gly Asn Leu Leu Ser Ile
 1010 1015 1020
 Arg Phe Asp Ala Thr Arg Glu Glu Val Ser Tyr Asn Pro Gly Gln
 1025 1030 1035
 Leu Arg Thr Ala Thr Arg Glu Ser Arg Val Tyr Gln Glu Ala Thr
 1040 1045 1050
 Arg Glu Val Ala Glu Gly Glu Arg Val Arg Phe Thr Arg Tyr Asp
 1055 1060 1065

 Lys Asp Met Gly Val Arg Ser Gly Asp Leu Gly Thr Val Thr Arg
 1070 1075 1080
 Ile Gly Glu Asp His Ala Met Arg Val Lys Met Asp Ser Gly Lys
 1085 1090 1095
 Ile Ala Glu Val Pro Pro Glu Lys Ala Gln His Ile Asp Tyr Gly
 1100 1105 1110
 Tyr Val Val Asp Ser Leu Lys Asp Val Arg Ala Glu Arg Val Ile
 1115 1120 1125

 Ala Thr Gly Asp Gly Leu Thr Gln Gln Ala Phe Gln Ala Ala Ser
 1130 1135 1140
 Ser Lys Ala Asp Leu Ala Leu Tyr Thr Ser Pro Pro Gln Gln Glu
 1145 1150 1155
 Phe Ala Ser Ser Lys Glu Ile Ala Val Thr Glu Phe Ala Gln Pro
 1160 1165 1170
 Thr Lys Gln Gln Asn Asp Phe Gly Ile Gly Phe
 1175 1180
 <210> 152

<211> 1156

<212> PRT

<213> Burkholderia multivorans ATCC 17616

<400> 152

Met Ile Ser Lys Glu Pro Ile Arg Ser Val Ala Asp Ala Ala Arg Tyr

1 5 10 15

His Asp Lys Ser Phe Asn Lys Asp Ala Gly Lys Lys Ala Asp Asn Tyr

20 25 30

Tyr Val Asn Glu Lys Ala Thr Ala His Trp Gln Gly Arg Gly Ala Asp

35 40 45

Phe Leu Gly Ile Arg Gly Lys Ala Val Thr Lys Glu Glu Phe Ile Gln

50 55 60

Phe Leu Ser Gly Arg Met Pro His Pro Asp Thr Gly Lys Ile Gln Asn

65 70 75 80

Leu Ala Asn Asn Ser Lys Gly Asp Lys Arg Arg Ala Gly Ile Asp Phe

85 90 95

Thr Ile Ala Pro Pro Lys Ser Val Ser Ile Ala Ala Leu Val Gly Lys

100 105 110

Asp Asp Arg Val Ile Ala Ala His Leu Ala Ala Asn Ala Arg Thr Met

115 120 125

Glu Trp Phe Glu Lys His Ala Ser Leu Ile Arg Val Lys Asp Glu Lys

130 135 140

Gly Arg Asn Arg Pro Glu Val Ala Gly Asn Leu Leu Tyr Ala Thr Val

145 150 155 160

Leu His Glu Thr Asn Arg Glu Asn Glu Pro Gln Leu His Asn His Asn

165 170 175

Val Ile Val Ser Ala Val Tyr Asp Gly Ala Arg His Ser Trp Arg Ser

180 185 190

Leu Thr Asn Asp Leu Leu Tyr Thr Leu Arg Ala Arg Gly Asp Ile Ile

195 200 205

Tyr Lys Ala Glu Leu Ala Ala Ala Leu Arg His Leu Gly Tyr Gln Leu

210 215 220
 Val Tyr Ala Glu Asn Gly Ile Asp Phe Glu Leu Lys Gly Phe Ser Arg
 225 230 235 240
 Asp His Val Asp Thr Phe Ser Thr Arg Ala Val Gln Val Arg Glu Ala

 245 250 255
 Leu Leu Lys His Gly Ile Asp Pro Gly Glu Ala Ser Phe Asp Ala Arg
 260 265 270
 Arg Val Ala Lys Leu Asp Ser Arg Ala Ala Lys Gln Glu His Pro Arg
 275 280 285
 Glu Ile Leu Gln Ser Val Trp Glu Glu Thr Ala Lys Glu Ala Asn Leu
 290 295 300
 Asp Val Ala Ser Ile Val Glu Arg Ala Arg Glu Ala Phe Ala Asp Arg

 305 310 315 320
 Gln Val Pro Arg Arg Gly Val Glu Arg Thr Val Glu His Gly Ala Ala
 325 330 335
 Met Gly Gln Asp Ser Gly Pro Ser Arg Gly Ala Ala Val Ser Val Ser
 340 345 350
 Asn Asp Ala Arg Ala Asn Ala Leu Arg Ala Val Ser Trp Ala Ile Glu
 355 360 365
 His Leu Thr Glu Arg Glu Gln Ala Phe Thr Leu Val Asp Leu Glu Val

 370 375 380
 Thr Ala Leu Lys Phe Ser Arg Gly Ser Ile Ser Glu Ile Glu Trp Ala
 385 390 395 400
 Ile Asp Gln His Val Arg Asn His Met Leu Val Asp Arg Gly Ile Thr
 405 410 415
 Val Gly Gly Gln Ile Gln Tyr Thr Thr His Lys Ala Ile Asp Asn Glu
 420 425 430
 Leu Lys Leu Ala Glu His Ile Leu Ala Gly Arg Gly Gln Gly Asn Val

 435 440 445
 Val Leu Asp Ala Glu Asp Gln Phe Asp Ala Ala Val Ala Ala Phe Glu
 450 455 460

Ala Lys Lys Thr Ala Glu Ile Gly Glu Gln Phe Lys Leu Ser Gly Glu
465 470 475 480
Gln Ile Gln Ala Ala Arg Asn Val Leu Met His Glu Asp Ser Ile Gln
485 490 495
Gly Ile Gln Gly Glu Ala Gly Thr Gly Lys Thr Ala Ala Leu Ala Met
500 505 510
Val Lys Asp Val Ala Gln Ala Met Gly Trp Glu Val Ile Gly Val Ala
515 520 525
Thr Ser Ala Ala Ala Ala Lys Glu Leu Glu Ala Ser Ser Gly Ile Gln
530 535 540
Ser Asp Thr Val Ala Gly Tyr Phe Ala Lys Arg Asp Ser Ala Ile Arg
545 550 555 560
Ala Val Glu Leu Arg Leu Gln Asp Leu Arg Lys Ser Ile Ser Glu Arg
565 570 575
Ala Thr Leu Arg Gly Leu Asp Asp Gln Arg Ile Glu Ala Arg Thr Leu
580 585 590
Ala Val Lys Ser Glu Asp Ile Asp Tyr Gly Thr His Arg Tyr Thr Phe
595 600 605
Asp His Gln Arg Gly Glu Val Phe Arg Ser Pro Glu Asn Leu Arg Asn
610 615 620
Ala Ile Gly Ala Ala Leu Ser Glu Ile Ala Ala Arg His Arg Glu Ala
625 630 635 640
Ala Gly Thr Glu Gln Gly His Pro Val Thr Leu Gly Glu Gln Ala Arg
645 650 655
Glu Thr Val Arg Ala Ala Ala Ala Asn Val Ala Ala Ser Leu Gly Arg
660 665 670
Arg Leu Met Thr Phe Glu Gln Ile Gly Thr Ala Glu Ala Val Ala Ala
675 680 685
Arg Asn Thr Leu Tyr Leu Glu Arg Gln Gly Ser Ala Thr Glu Leu Asp
690 695 700
Ala Glu Tyr Ala Arg Thr Gln Ala Lys Leu Glu Asn Leu Arg Arg Tyr

705 710 715 720
 Gly Asn Val Asp Gly Lys Lys Thr Leu Ile Val Met Asp Glu Ser Ser
 725 730 735
 Leu Thr Gly Val Asp Asp Thr Glu Lys Leu Leu Arg Phe Ala Arg Glu
 740 745 750
 Ile Gly Ala Arg Thr Val Leu Gln Gly Asp Val Lys Gln His Gly Ser

 755 760 765
 Val Ala Ala Gly Arg Ala Phe Glu Gln Ala Gln Ile Ala Gly Met Asn
 770 775 780
 Val Ser Ile Leu Glu Glu Thr Arg Arg Phe Arg Asp Ala Thr Ala Gln
 785 790 795 800
 Thr Arg Gln Ala Leu Ala Asp Met Lys Ala Gly Asn Tyr Ala Gln Ala
 805 810 815
 Ile Ala Arg Leu Asp Thr Leu Arg Val Ala Glu Ser Asp Leu Ala Lys

 820 825 830
 Thr Val Ala Glu Arg Tyr Leu Glu Asn Leu Gln Glu Leu Thr Ala Lys
 835 840 845
 Gly Val Asp Ala Pro Lys Val Gly Val Val Ala Ile Thr Asn Ser Asp
 850 855 860
 Arg Lys Leu Ile Asn Ala Ala Val His Gln Ala Leu Thr Asp Val Gly
 865 870 875 880
 Ile Ile Ser Gly Pro His Phe Glu Lys Pro His Leu Asp Asp Pro Lys

 885 890 895
 Met Thr Gly Ala Glu Gln Arg Tyr Ala Ser Met Leu Ser Arg Asn Arg
 900 905 910
 Val Asp Ala Leu Ile Tyr Arg Lys Ser Tyr Arg Glu Ile Gly Val Glu
 915 920 925
 Lys Gly Asp Val Leu Thr Val Thr Gly Tyr Asp Val Gln Lys Asn Arg
 930 935 940
 Ile Tyr Ala Leu Asn Ala Lys Gly Lys Ser Val Glu Ile Asn Pro Gln

 945 950 955 960

Arg Gln Asp Tyr Phe Ser Pro Ala Ile Gln Glu Ser Arg Val Phe Ala
965 970 975

Val Gly Asp Arg Val Glu Thr Arg Ala Ile Ile Arg Leu Pro Gly Gln
980 985 990

Glu Leu Asn Arg Leu Asp Asn Gly Thr Gln Gly Val Ile Val Ala Ile
995 1000 1005

Asp Ser Leu Gly Ala Lys Ile Arg Trp Tyr Arg Asp Gly Lys Glu
1010 1015 1020

Ser Asp Leu Lys Asn Asp Asp Leu Arg Phe Val Asp His Ala Tyr
1025 1030 1035

Ala His Thr Ser Tyr Lys Glu Gln Gly Ala Thr Asn His Arg Glu
1040 1045 1050

Ile Val Ala Val Ser Lys Ile Gly Ala Arg Val Phe Asn Arg Glu
1055 1060 1065

Ala Ala Tyr Val Ala Ala Ser Arg Ala Lys Asp Asn Thr Glu Ile
1070 1075 1080

Ile Thr Ser Asp Leu Asp Thr Leu Leu Arg Asn Ala Gly Arg Glu
1085 1090 1095

Val Gly Lys Thr Thr Ala Val Glu Phe Glu Arg Ala Glu Ser Ser
1100 1105 1110

Leu Asp Gln Ser Ala Asp Gln Gly Ala Lys His Gly Ala Thr Arg
1115 1120 1125

Ser Ile Glu Val Ala Pro Thr Arg Ser Val Glu Thr Glu Arg Thr
1130 1135 1140

Leu Glu Arg Ser Pro Asp Pro Gly Asn Leu Leu Gly Phe
1145 1150 1155

<210> 153
<211> 8
<212> PRT
<213> Artificial sequence
<220><223> RecD-like motif I of TrwC Bmu
<400> 153

Gly Glu Ala Gly Thr Gly Lys Thr

1 5

<210> 154

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Bmu

<400> 154

Tyr Ala His Thr Ser Tyr Lys Glu Gln Gly

1 5 10

<210> 155

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Aca

<400> 155

His Glu Thr Asn Arg Glu Asn Glu Pro Gln Leu His Asn His

1 5 10

<210> 156

<211> 986

<212> PRT

<213> Legionella longbeachae NSW150

<400> 156

Met Leu Ser Ile Gln Pro Leu Lys Ser Ala Lys Gly Ala Ala Asp Tyr

1 5 10 15

Tyr Ala Ala Thr Phe Asn Tyr Tyr Ala Gly Asp Ala Gln Ala Met Arg

20 25 30

Trp Leu Gly Gln Ala Ser Gln Lys Met Gln Leu Thr Gly Ile Val Gln

35 40 45

Lys Glu Gln Met Leu Ala Leu Leu Glu Gly Gln Leu Pro Asn Gly Gln

50 55 60

Ser Leu His Asn Leu Gln Gly Glu His Arg Pro Gly Phe Asp Met Thr

65 70 75 80

Phe Ser Ala Pro Lys Ser Val Ser Leu Leu Val Gly Leu Gly Val Ala

85 90 95

Pro Glu Leu Val Arg Tyr His Asp Glu Ala Val Ala Tyr Ala Ile Asp

100 105 110

Gln Ile Glu Lys Glu Phe Ala Glu Ala Arg Val Ser Arg Asn Gly Ala

115 120 125

Ile Phe Tyr Glu Lys Thr Glu Asn Leu Ala Val Ala Ala Phe Arg Gln

130 135 140

Pro Ser Ser Arg Ala Asn Asp Pro Ala Leu His Thr His Cys Val Thr

145 150 155 160

Met Asn Leu Thr Phe His Glu Gly Lys Ala Arg Ser Leu Ala Ser Asp

165 170 175

Ile Ser Arg Ser Asn Gly Val Ile Glu Gln Ile Gln Asn Asn Ala His

180 185 190

Tyr Cys Gly Leu Met Tyr Arg Gln His Leu Ala Asn Arg Leu Lys Glu

195 200 205

Ala Asp Phe Pro Leu Arg Leu Ser Gly Asp Gly Leu Phe Glu Ile Asp

210 215 220

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

225 230 235 240

Ile Glu Arg His Met Glu Glu Lys Gly Trp Ser Gly Ala Lys Ser Ala

245 250 255

Ser Ala Ala Thr Leu Leu Thr Arg Gln Asn Lys Glu Glu His Asp Ile

260 265 270

Thr Leu Leu Glu Gln Asp Trp Lys Glu Arg Ala Lys Asp Leu Gly Phe

275 280 285

Asp Ala Gln Ala Phe Met Gln Asn Arg Asn Gln Val Gln Ser Leu Ser

290 295 300

Trp Phe Ser Ala Ile Lys Asp Lys Leu Met Ala Leu Val Gly Lys Gln

305 310 315 320

Ser Lys Asp Lys Ser Pro Ser Glu Met Asp Ala Ala Ile Ala Cys Val

325 330 335
His Val Ala Thr Glu Thr Leu Ser Gln Arg Thr Ser Met Phe Ser Ala

340 345 350
Arg Gly Leu Ala Phe Glu Ala Met Lys His Ser Leu Val Tyr Pro Lys

355 360 365
Ala Val Ser Lys Glu Ser Ile Asn Asp Ala Ile Gln His Glu Ile Lys

370 375 380
Asn Gln Ser Leu Tyr Glu Ala Arg Cys Pro Glu Thr Gly Gln Arg Phe

385 390 395 400
Leu Thr Thr Pro Trp Leu Leu Thr Thr Glu Thr Glu Thr Leu Ala Arg

405 410 415
Ile Glu His Asn Lys Gly Val Val Pro Ala Ile Ala Thr Lys Glu Thr

420 425 430
Val Lys Ala Phe Gln Lys Gln Arg His Pro Leu Leu Pro Tyr Pro Leu

435 440 445
Thr His Ser Gln Lys Glu Ala Met Thr Val Leu Leu Thr Ser Lys Asp

450 455 460
Arg Tyr Leu Ala Ile Gln Gly Tyr Ala Gly Val Ala Lys Thr Ser Met

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

485 490 495
Gly Ile Thr Val Ala Ser Ser Ala Ala Tyr Glu Leu Gln Glu Lys Ala

500 505 510
Gly Ile Lys Thr Asp Val Phe Pro Leu Val His Gln Glu Leu Lys Asn

515 520 525
Ala Pro Thr Ala Ser Leu Ser Lys Thr Leu Phe Ile Val Asp Glu Ala

530 535 540
Ser Met Leu Ser Ser His Gln Gly His Glu Leu Met Lys Gln Ile Glu

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

565 570 575

Ser Val Asn Ala Gly Arg Ile Phe Gly Leu Thr Gln Glu Tyr Gly Ile
580 585 590

Glu His Ser Ile Met Asp Glu Ile Val Arg Gln Lys Asn Thr Val Leu
595 600 605

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

Asp Lys Leu Asp Val Lys Glu Cys Val Thr His Glu Glu Arg Ile Ala
625 630 635 640

Trp Ile Ala Asn His Trp Leu Ser Leu Ser Gln Lys Gly Arg Asp Asp
645 650 655

Thr Leu Leu Phe Ala Pro Thr His Ala His Arg Glu Glu Ile Thr Lys
660 665 670

Leu Ile Arg Asn Gly Leu Lys Gly Glu Gly Ile Leu Glu Asn Glu Gly
675 680 685

Leu Cys Gln Thr Val Leu Lys Ala Lys Lys Met Glu Pro Ile Gln Ser
690 695 700

Arg Phe Ile Ala Tyr Tyr Gln Lys Gly Asp Lys Val Arg Phe Asn Gln
705 710 715 720

Glu Phe Lys Thr Asn Asn Ile Gln Ala Gly Ala Tyr Tyr Thr Val Gly
725 730 735

Glu Ile Ser Lys Lys Asn Arg Gln Asp Asn Val Leu Pro Leu Ile Asn
740 745 750

Glu Gln Gly Lys Gln Ile Gln Phe Lys Leu Asn Asn Leu Pro Lys Tyr
755 760 765

Lys Thr His Asn Ala Ala Phe Glu Arg Ile Ile Glu Leu Tyr Gln Pro
770 775 780

Lys Lys Leu Glu Leu Leu Val Gly Asp Lys Val Met Trp Thr Arg Asn
785 790 795 800

Phe Lys Ala Asn Asn Leu Arg Asn Gly Gln Cys Ala Thr Leu His Glu
805 810 815

Ile Lys Glu Asn Val Phe Thr Phe Ile Thr Lys Glu Gly Arg Gln Leu

820 825 830
 Thr Leu Glu Lys Asp His Pro Ala Leu Lys His Leu Asp Tyr Ser Tyr
 835 840 845
 Val Leu Thr Asn Tyr Lys Val Gln Gly Lys Asp Ala Pro Phe Gly Ile

850 855 860
 Gly Leu Met Glu Ser Tyr His Arg Phe Gly Thr Thr Leu Asn Asn Phe
 865 870 875 880
 Tyr Val Gln Ile Ser Arg Ala Ile His Gly Met Ile Leu Val Thr Asp
 885 890 895
 Asn Lys Glu Glu Leu Val His Ala Ile Arg Arg Asn Thr Glu Glu Lys
 900 905 910
 Pro Val Ala Leu Asp Arg Ile Ser Ser Glu Gln Leu Val Arg His Glu

915 920 925
 Glu Arg Phe Val Gln Ser Asn Lys Phe Ser Met Gln Ala Val Ile Thr
 930 935 940
 Lys Lys Gln Ala Phe Glu Ser Gln Lys Ser Pro Gln Ser Arg His Gln
 945 950 955 960
 Lys Ile Thr Met Asp Glu Leu Leu Val Pro His Lys Lys Thr Glu Ile
 965 970 975
 Asn Arg Pro Leu Ile Lys Glu Leu Glu Leu
 980 985

<210> 157

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Llo

<400> 157

Gly Tyr Ala Gly Val Ala Lys Thr

1 5

<210> 158

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Llo

<400> 158

Tyr Val Leu Thr Asn Tyr Lys Val Gln Gly

1 5 10

<210> 159

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Llo

<400>

> 159

Gln Pro Ser Ser Arg Ala Asn Asp Pro Ala Leu His Thr His

1 5 10

<210> 160

<211> 1047

<212> PRT

<213> Asticcacaulis excentricus CB 48

<400> 160

Met Leu Lys Ile Thr Arg Leu Lys Ser Ala Ser Arg Ser Gly Asp Tyr

1 5 10 15

Tyr Gly Lys Asp Asp Tyr Tyr Val Thr Gly Glu Ala Asn Thr Pro Asn

20 25 30

Leu Arg Trp Gly Gly Glu Gly Ala Ala Gln Leu Gly Leu Val Gly Glu

35 40 45

Ala Asn Ser Leu Asp Phe Lys Lys Leu Leu Lys Gly Ile Asn Pro Asp

50 55 60

Pro Asp Gly Ser Ala Leu Ser Lys Ala Asp Glu Ala Leu Arg Glu Gln

65 70 75 80

Ala Gly Ala Ser Gly Glu Thr Asp Pro Glu Arg Thr Ile Pro Lys His

85 90 95

Ala Pro Gly Trp Asp Met Thr Phe Ser Ala Thr Lys Ser Ala Ser Ile

100 105 110

Met Ala Leu Val Ala Gly Asp Asp Arg Ile Gln Ala Ala Phe Asn Arg
115 120 125

Ser Val Gln Ser Thr Met Asp Tyr Ala Glu Lys His Phe Ala Ile Thr
130 135 140

Arg Gln Arg Thr Asp Gly Gly Ala Pro Lys Gln Ile Leu Thr Gly Asn
145 150 155 160

Leu Thr Tyr Ala Thr Thr Ser His Ser Met Ser Arg Ala Gly Asp Pro
165 170 175

Glu Met His Asn His Val Val Leu Ala Asn Ala Thr Arg Met Glu Asp
180 185 190

Gly Thr Trp Arg Ala Leu Glu Thr Ala Pro Leu Tyr Lys His Gln Gln
195 200 205

Phe Leu Gly Asn Val Gln Lys Ala Glu Phe Ala His Glu Leu Lys Lys
210 215 220

Leu Gly Tyr Asn Leu Val Gln Gly Lys Thr Gln Gly Thr Trp Glu Ile
225 230 235 240

Ala Glu Phe Ser Ala Ala Tyr Arg Gly Glu Asn Asp Lys Ala Gly Ile
245 250 255

Gly Pro Ala Asp Leu Leu Ile Asp Thr Phe Ser Lys Arg His Val Glu
260 265 270

Ile Met Gly Lys Ile Ala Ala Ala Glu Ala Asp Lys Gly Arg Glu Leu
275 280 285

Ser Lys Gly Glu Arg Gln Thr Leu Ile Leu Lys Asp Arg Pro Gln Lys
290 295 300

Leu Leu Thr Asp Arg Asp Val Gln Gln Ala Leu Trp Lys Glu Val Ala
305 310 315 320

Arg Asp Ala Gly Val Asp Leu Asp Gln Ile Val Ser Ala Ala Lys Thr
325 330 335

Arg Glu Val Gly Gln Asp Leu Thr Pro Gln Arg Lys Gly Asp Ile Gly
340 345 350

Leu Ala Gly Lys Val Met Ala Tyr Ile Asp Glu Lys Val Leu Gly Arg

355 360 365
 Thr Arg Asp Leu Ser Ala Glu Ala Ser Leu Ala Leu Gly Leu Arg Ser
 370 375 380
 Gln Glu Arg Gln Ser Thr Ile Phe Thr Pro Tyr Ala Val Ile Phe Asp
 385 390 395 400
 Ala Met Leu Ala Asn Gly Asn Arg His Arg Ile Gln Asp Tyr Gln Ala
 405 410 415
 Thr Gly Phe Leu Gln Arg Pro Glu Ile Val Lys Ala Asp Arg Glu Lys

 420 425 430
 Leu Ala His Ile Thr Thr Gln Arg Ala Ile Thr Met Glu Asp Ala Ile
 435 440 445
 Val Glu Arg Val Ile Arg Ser Gln Ala Arg Ser Lys Ala Phe Thr Pro
 450 455 460
 Asp Val Ser Asp Arg Ala Met Tyr Gly Ile Val Ala Asp Gly Lys Ala
 465 470 475 480
 Leu Ala Pro Asn Thr Gln Gln Ala Ala Val Val Gln His Val Leu Thr

 485 490 495
 Asp Gly Ala Arg Tyr Ser Val Ile His Gly Ser Ala Gly Thr Gly Lys
 500 505 510
 Thr Thr Thr Phe Asp Leu Val Arg Gln Thr Leu Asp Arg Leu Ser Ala
 515 520 525
 Gly Gln Ile Glu Ile Val Ala Leu Ala Pro Thr His Lys Ala Lys Gly
 530 535 540
 Glu Leu Ala Asp Arg Ala Gly Ile Ala Thr Glu Thr Val Gln Met Phe

 545 550 555 560
 Leu Leu Gln Gln Gln Lys Gly Ser Thr Gln Thr Ala Pro Ser Ser Gln
 565 570 575
 Met Ala Asn Leu Lys Gly Lys Trp Leu Leu Val Asp Glu Gly Ser Met
 580 585 590
 Leu Ser Asn Val Gln Met Asp Arg Ile Ile Asp Val Ala Glu Arg Ser
 595 600 605

Gly Val Asp Lys Val Ile Phe Ser Phe Asp Glu Arg Gln Leu Ala Ala

610

615

620

Met Glu Ala Gly Ala Pro Thr Arg Leu Ala Met His Ala Gly Ala Ser

625

630

635

640

Thr Val Tyr Leu Lys Asp Asn Val Arg Gln Ala Gln Met Pro Val Leu

645

650

655

Arg Ala Gly Ile Met Lys Met Ala Asp Gly Lys Pro Trp Glu Ala Leu

660

665

670

Pro Ser Ile Arg Pro Tyr Val Thr Glu Thr Arg Ser Asn Asp Asp Gln

675

680

685

Ile Leu Ala Arg Ala Ala Val Ala Lys Trp Arg Glu Met Gly Pro Asp

690

695

700

Thr Lys Val Val Val Gly Thr Asn Lys Met Arg Gly Leu Ala Asn Ala

705

710

715

720

Met Ile Arg Thr Glu Leu Gln Gly Met Gly Leu Val Gly Arg Glu Asp

725

730

735

Val Ala His Lys Thr Tyr Val Ser Glu Asn Arg Ser Pro Glu Gln Leu

740

745

750

Gly Met Ile Thr Ala Tyr Ala Leu Gly Gln Arg Ile Ile Phe His Lys

755

760

765

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

770

775

780

Gly Ile Asp Met Arg Thr Asn Arg Leu Thr Leu Gln Ser Thr Glu Tyr

785

790

795

800

Gly Lys Arg Ser Tyr Asn Leu Ala Gly Leu Thr Ser Gly Arg Asp Glu

805

810

815

Pro Thr Phe Gly Val Tyr Arg Glu Gln Thr Ile Lys Leu Ser Val Gly

820

825

830

Asp Gln Leu Ala Trp Asn Ile Thr Asp Lys Lys Ala Gly Val Thr Asn

835

840

845

Asn Asp Ala Phe Thr Val Ala Ala Ile Lys Gly Ser Lys Leu Ala Thr

850 855 860
Gln Arg Glu Val Glu Ile Asp Gly Val Arg Thr Leu Lys Thr Gln Val

865 870 875 880
Phe Asp Leu Glu Asn Asp Pro Val Ala Arg Phe Met Ser His Gly Tyr

885 890 895
Ser Leu Thr Ala Asn Arg Ala Gln Gly Ala Ser Phe Gly Lys Val Val

900 905 910
Ala Val Leu Gly Ser Tyr Met Gly Glu Phe Ala Asn Gln Ala Arg Gly

915 920 925
Tyr Val Met Ala Ser Arg Pro Arg Gln Glu Phe Gln Trp Val Thr Asp

930 935 940
Asp Leu Lys Ser Leu Phe Arg Arg Leu Ala Glu Asn Asp Gly Ile Asn

945 950 955 960
Pro Ser Ala Leu Asn His Ile Asp Arg Ala Met Asp Leu Ala Asp Lys

965 970 975
Ala Asp Arg Val Lys Pro Ala Pro Gln Pro Asp Lys Ala Pro Glu Ile

980 985 990
Pro Lys Pro Glu Pro Val Thr Ala Lys Ala Lys Glu Thr Glu Lys Glu

995 1000 1005
Lys Ser Glu Val Ala Asn Pro Gly Gly His His Ile Thr Glu Asp

1010 1015 1020
Gln Lys Ser Ser Ser Lys Glu Lys Asp Ile Gly Glu Lys His Ile

1025 1030 1035
Ala Gln Asn Asp Ile Leu Phe Arg Ile

1040 1045

<210> 161

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Aex

<400> 161

Gly Ser Ala Gly Thr Gly Lys Thr

1 5

<210> 162

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Aex

<400> 162

Tyr Ser Leu Thr Ala Asn Arg Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 163

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Aex

<400> 163

His Ser Met Ser Arg Ala Gly Asp Pro Glu Met His Asn His

1 5 10

<210> 164

<211> 981

<212> PRT

<213> Methylobacterium radiotolerans JCM 2831

<400> 164

Met Thr Ala Ser Leu His Arg Leu Gly Ala Gly Ala Pro Ala Ala Ala

1 5 10 15

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

20 25 30

Glu Tyr Tyr Leu Ser Asp Gly Gly Gly Val Trp Trp Ser Ser Gly Gly

35 40 45

Thr Ile Val Arg His Gly Ala Ala Ile Asp Ala Ala Ser Phe Arg Asp

50 55 60

Leu Cys Ala Gly Leu His Pro Gly Thr Gly Lys Pro Leu Val Arg Gly

65 70 75 80

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

325 330 335
 Glu Ile Pro Gly Asp Ser Pro Met Ala Arg Ala Ala Ser Ala Leu Phe
 340 345 350
 Arg His Glu Ser Val Val Ala Arg Lys Asp Leu Leu Gln Arg Ala Leu
 355 360 365
 Glu Val Ala Gly Val Ala Gly Ile Gly Val Asp Ala Val Glu Ala Glu

 370 375 380
 Leu Ala Gln Phe Glu Arg Asp Gly Ala Leu Leu Leu Leu Ala Asp Ala
 385 390 395 400
 Glu Leu Val Pro Gly Ala Ser Ala Cys Trp Thr Ser Pro Gly Ile Ala
 405 410 415
 Ala Cys Glu Ala Ala Met Leu Arg Ala Ala Asp Arg Pro Leu Glu Arg
 420 425 430
 Thr Trp Ile Thr Pro Glu Ala Val Glu Ala Ala Leu Ala Asp Ala Pro

 435 440 445
 His Leu Ser Pro Glu Gln Gly Glu Ala Val Arg His Ala Ala Gly Arg
 450 455 460
 Asp Gly Val Ala Leu Leu Gln Ala Gly Ala Gly Thr Gly Lys Thr Thr
 465 470 475 480
 Thr Ala Ala Ala Leu Val Ala Ala Ala Arg Gly Ser Gly Leu Arg Val
 485 490 495
 Ile Gly Leu Ala Pro Ser Trp Val Ala Ala Asp Glu Leu Gly Arg Ser

 500 505 510
 Thr Gly Ile Pro Ala Gln Ala Ile Ala Arg Trp Arg Gln Asp Gln Thr
 515 520 525
 Gln Ala Ala Gly Pro Asp Ala Ile His His Pro Asp Arg Ser Ala Val
 530 535 540
 Leu Asp Ala Asp Thr Leu Val Met Val Asp Glu Ala Gly Met Val Ala
 545 550 555 560
 Thr Arg Asp Met Glu Ala Val Leu Ser Ala Ala Arg Ser Val Gly Ala

 565 570 575

Lys Val Val Leu Ile Gly Asp Arg Arg Gln Leu Ala Ser Val Gly Gly
 580 585 590
 Ala Ser Ala Leu Arg Ala Val Ala Asp Val Val Gly Arg Ser Ala Val
 595 600 605
 Leu Glu Gln Val Arg Arg Gln Thr Val Glu Trp Gln Arg Ala Ala Ser
 610 615 620
 Val Leu Met Ala Arg Gly Glu Val Glu Ala Ala Leu Arg Ala Tyr Ala

 625 630 635 640
 Ala Arg Asp Arg Ile Glu Leu Val Ala Gly Ala Glu Ala Ala Gln Val
 645 650 655
 Arg Ala Leu Ala Val Trp Ser Glu Gln Arg Ala Ala His Gly Glu Asp
 660 665 670
 Val Leu Ile Val Thr Arg Arg Asn Ala Asp Ala Ala Ala Leu Asn Val
 675 680 685
 Gln Ala Arg Ala Val Leu Arg Gly Glu Gly Arg Leu Gly Pro Asp Leu

 690 695 700
 Ile Thr Leu Pro Ala Arg Asp Arg Asp Arg Pro Val Pro Leu Ala
 705 710 715 720
 Leu Ala Val Gly Asp Ala Leu Arg Phe Gly Glu Ser Leu Pro His Leu
 725 730 735
 Gly Leu Arg Asn Gly Asn Arg Ala Arg Val Glu Ala Ile Thr Ala Glu
 740 745 750
 Pro Glu Arg Gly Val Arg Leu Arg Leu Ala Leu Glu Asp Gly Arg Ala

 755 760 765
 Leu Glu Val Ala Trp Ser Asp Leu Ala Gln Gln Pro Arg Phe Gly Arg
 770 775 780
 Lys Trp Pro Gln Pro Arg Ile Val His Ala Tyr Ala Gly Thr Val Tyr
 785 790 795 800
 Ala Ala Gln Gly Arg Thr Ser Ser Ala Ala Val Met Tyr Val Gly Ala
 805 810 815
 Ala Thr Asp Ala Arg Glu Leu Tyr Val Gly Leu Thr Arg His Arg His

820 825 830
 Glu Ala Arg Val Val Val Glu Arg Asp Arg Leu Asp Ala Leu Cys Arg
 835 840 845
 Gln Arg Gln Ala Asp Ala Arg Met Pro Ala Thr Asp Ala Met Val Leu
 850 855 860
 Glu Arg Leu Phe Arg Glu Ala Arg Thr Tyr Ser Glu Lys Val Asn Val
 865 870 875 880
 Val Asp His Ala Ala Asp Arg Val Ala Phe Val Arg Asp Gly Ser Leu

885 890 895
 Gly Thr Arg Glu Leu Val Gly Gln Gly Ile Asp Val Arg Arg Met Met
 900 905 910
 Cys Ala Ala Arg Leu Leu Arg Glu Ala Met Ala Trp Leu Gly Val Glu
 915 920 925
 Gln Leu Ile Val Pro Thr Trp Arg Leu Val Asp Ala Tyr Gly Arg Arg
 930 935 940
 Leu Thr Gln Ala Pro Ala Arg Val Thr Arg Ala Leu Val Gly Glu Leu

945 950 955 960
 Ala Ser Arg Leu Gly Arg Pro Asp Ala Leu Ser Gly His Glu Arg Gly
 965 970 975
 His His Ile Glu Arg
 980

<210> 165

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Mra

<400> 165

Ala Gly Ala Gly Thr Gly Lys Thr

1 5

<210> 166

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223>

RecD-like motif V of TrwC Mra

<400> 166

Tyr Ala Gly Thr Val Tyr Ala Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 167

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Mra

<400> 167

His Tyr Thr Thr Arg Glu Gly Asp Pro Asn Ile His Thr His

1 5 10

<210> 168

<211> 949

<212> PRT

<213> Mycobacterium parascrofulaceum ATCC BAA-614

<400> 168

Met Ala Arg Val Leu Thr Ile Ala Lys Leu Ser Arg Trp Ser Val Asn

1 5 10 15

Tyr Tyr Asn Asp Thr Ala Arg Ala Ala Gly Gln Ala Ala Lys Asp Leu

20 25 30

Gln Cys Ala Asn Gly Gly Leu Gly Glu Tyr Tyr Gly Glu His Asp Thr

35 40 45

Arg Thr Pro Val Trp Val Cys Ala Gly Asp Ala His Arg Ala Ala Glu

50 55 60

Leu Val Gly Leu Ser Asp Ala Glu Arg Ala Gly Gly Asp Ala Asp Pro

65 70 75 80

Gly Val Val Ala Arg Trp Leu Asp Glu Gly Ile Ala Pro Asn Gly Ala

85 90 95

Cys Gly Arg Ala Phe Gly Lys Gly Ser Val His Gly Phe Asp Leu Thr

100 105 110

Phe Cys Ala Pro Lys Ser Val Ser Leu Val Arg Ala Leu Arg Ala Asn

115 120 125
Glu Val Ala Asp Lys Ala Val Leu Ala Ala His Thr Thr Ala Ile Ala

130 135 140
Glu Ala Leu Lys Tyr Leu Ala Val His Ala Gly Tyr Thr Arg Val His

145 150 155 160
Asn Pro Thr Thr Gly Asp Lys Asp Leu Val Arg Leu Pro Gly Leu Val

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

180 185 190
His Thr His Val Leu Val Pro Asn Arg Gln Ala Arg Ala Asp Gly Arg

195 200 205
Leu Val Ser Leu Asp Gly Thr Ser Leu Phe His Glu Ala Lys Ala Ala

210 215 220
Gly Val Ile Tyr Gln Ala Thr Leu Arg Arg Glu Leu His Arg Ser Leu

225 230 235 240
Gly Val Glu Trp Ala Ala Val Asp Pro Arg Thr Gly Met Ala Glu Val

245 250 255
Ala Gly Ile Asp Pro Asn Ser Val Ser Ala Trp Ser Gln Arg Ala Ser

260 265 270
Gln Leu Arg Glu Trp Ala Ala His Asn Leu Val Val Val Gly Ser Gly

275 280 285
Ala Gly Pro Ser Ala Ala Gln Leu Ala Ala Ala Gln Lys Ala Thr Arg

290 295 300
Pro Ala Lys Pro Glu Gln Leu Pro Trp Val Gln Leu Val Ala Glu Trp

305 310 315 320
Arg Ala Asp Ala Arg Gly Leu Lys Val Asp Arg Ala Ala Phe Leu Gln

325 330 335
Ala Arg Gln Ala Arg Arg Ala Ala Ala Ala Ala Pro Phe His Arg Ala

340 345 350
Arg Leu Ala Ala Ala Ala Lys Ile Glu Lys Ala Ala Phe Thr Arg

355 360 365

Ala Asp Leu Val Glu Val Ile Gly Ala Gln Leu Pro Val Asp Ile Asp
370 375 380

Gly Glu Thr Arg Thr Pro Arg Glu Leu Ile Glu Ala Ser Val Asp Ala

385 390 395 400

Val Gly Met Arg Leu Thr Ala Pro Arg Ala Ala His Gln Arg Glu Gly
405 410 415

His Glu Arg Tyr Thr Leu Asp Arg Ile Leu Ala Glu Glu Ala Leu Leu
420 425 430

Leu Asp Ala Val Gly Ala Arg Glu Glu Arg Ser Gln Leu Phe Gly Leu
435 440 445

His Glu Phe Asp Leu Glu Gly Leu Ser Gly Asp Gln Gln Arg Ala Val

450 455 460

Arg Thr Ile Ala Trp Leu Pro Trp Leu Val Cys Pro Leu Ser Ala Pro
465 470 475 480

Ala Gly Ala Gly Lys Thr Thr Ser Met Arg Ala Leu Arg Ala Ala Ala
485 490 495

Asn His Ser Gly Lys Arg Val Leu Val Val Ala Pro Thr Gly Lys Ala
500 505 510

Val Asp Val Ala Val Arg Glu Gly Ala Gly Asp Thr Gly Val Thr Val

515 520 525

Ala Ala Ala Leu Arg Ser Leu Arg Glu Asn Thr Leu Thr Leu Thr Pro
530 535 540

Arg Thr Leu Val Val Val Asp Glu Ala Gly Met Val Gly Thr Asp Ala
545 550 555 560

Leu Arg Glu Leu Leu Ala Ala Ala Thr Ala Ala Gly Val Lys Thr Val
565 570 575

Leu Val Gly Asp Ala Tyr Gln Leu Ala Pro Val Lys Ala Arg Gly Gly

580 585 590

Met Phe Ala Gln Leu Cys Thr Asp Leu Pro Trp Thr Gln Thr Leu Ser
595 600 605

Glu Val Trp Arg Met Gln Asp Pro Ala Glu Arg Ala Ala Ser Leu Ala

610 615 620
 Leu Arg Asp Gly Gly Pro Ala Pro Val Arg Arg Ala Val Ala Trp Tyr
 625 630 635 640
 Arg Ala Gln Asp Arg Leu His Ala Gly Asp Pro Ile Ala Met Ala Ala

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

 705 710 715 720
 Glu Pro Ala Ile Pro Val Phe Glu Ala Arg Arg Ala Val Pro Asp Pro
 725 730 735
 Ser Ala Asp Pro Val Arg Asn Gly Gln Arg Trp Gln Val Leu Ala Val
 740 745 750
 Asp Arg Glu His Asp Arg Ile Ala Ala Arg Arg Leu Glu Asp Gly Ala
 755 760 765
 Arg Val Val Leu Ser Gly Asp Tyr Leu Arg Glu His Val Ser Tyr Gly

 770 775 780
 Tyr Ala Val Thr Val His Ala Ala Gln Gly Val Thr Ala Asp Thr Ala
 785 790 795 800
 His Ala Val Leu Gly Glu Ser Thr Arg Arg Asn Leu Leu Tyr Val Ala
 805 810 815
 Met Thr Arg Gly Arg Glu Thr Asn His Ala Tyr Leu Tyr Glu Arg Leu
 820 825 830
 Gly Gly Glu Thr Glu His Glu His Pro Glu Pro Gln Ser Gly Met His

 835 840 845
 Val Ala Arg Arg Gly Thr Gly His Gln Ala Ala Gln Leu Val Arg Gly
 850 855 860

Ile Ile Gly His Arg Asn Glu Gln Pro Arg Thr Ala His Asp Val Ala
 865 870 875 880
 Ala Gln Thr Glu Asp His Ala Gln Leu Pro Ala Arg Val Gln Ser Leu
 885 890 895
 Leu Ala Arg Arg Ala Ala Gly Val Ala Arg Arg Arg Ala Ala Tyr Gln

900 905 910
 Gln Trp Arg Asp Asp Arg Leu Asp Arg Leu Leu Asp Gln Gln Gln Trp
 915 920 925
 Ile Asp His Gln Arg His Arg Ser Arg Gly Arg Gly Gln Ser Arg Asp
 930 935 940
 Tyr Gly Leu Glu Leu

945

<210> 169

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif I of TrwC Mpa

<400> 169

Ala Pro Ala Gly Ala Gly Lys Thr

1 5

<210> 170

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> RecD-like motif V of TrwC Mpa

<400> 170

Tyr Ala Val Thr Val His Ala Ala Gln Gly

1 5 10

<210> 171

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial sequence

<220><223> MobF motif III of TrwC Mpa

<220><223> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 174	
agcgactaac aaacacaatc tgatggcttt tttttttttt tttttttttt ttttttt	57
<210> 175	
<211> 80	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 175	
ccccccccca ccccccccca ccccccccca cccccccccc ctattctgtt tatgtttctt	60
gtttgttagc cctattctgt	80
<210> 176	
<211> 40	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 176	
acagaatagg gctaacaaac aagaacata aacagaatag	40
<210> 177	
<211> 40	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 177	
ctattctgtt tatgtttctt gttgttagc cctattctgt	40
<210> 178	
<211> 163	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 178	
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt gcgttaaatt	60
caattacgtc acattagaaa cgtcagaaac ttcagaaggg cgggcggtcc atgcaacgtc	120

gcattaggaa cgtaattac ttaattcgcc ttacgtgaaa ttc	163
<210> 179	
<211> 27	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 179	
taatgtgacg taattgaatt taacgct	27
<210> 180	
<211> 83	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223>	
> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 180	
ttcacgtaag gcgaattaag taattaacgt tcctaattgacg acgttgcatg gaccgcccgc	60
ccttctgaag tttctgacgt ttc	83
<210> 181	
<211> 5358	
<212> DNA	
<213> Artificial sequence	
<220><223> Polynucleotide used in the Examples	
<400> 181	
tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt ggttgtttct	60
gttggtgctg atattgcccg gtggtaccgt ctccagccac ttaagtgagg tgatttatgt	120
ttggtgctat tgctggcggg attgcttctg ctcttgctgg tggcgccatg tctaaattgt	180
ttggaggcgg tcaaaaagcc gcctccggtg gcattcaagg tgatgtgctt gctaccgata	240
acaatactgt aggcattgggt gatgctggta ttaaatctgc cattcaaggc tctaattgtc	300
ctaaccctga tgaggccgcc cctagttttg tttctggtgc tatggctaaa gctggtaaa	360
gacttcttga aggtacgttg caggctggca ctctgcccgt ttctgataag ttgcttgatt	420
tggttggact tgggtggcaag tctgccgctg ataaaggaaa ggatactcgt gattatcttg	480
ctgctgcatt tctgagctt aatgcttggg agcgtgctgg tgctgatget tcctctgctg	540
glatggttga cgccgattt gagaatcaaa aagagcttac taaaatgcaa ctggacaatc	600

agaaagagat tgccgagatg caaaatgaga ctcaaaaaga gattgctggc attcagtcgg 660
 cgacttcacg ccagaatagc aaagaccagg tatatgcaca aaatgagatg cttgcttacc 720
 aacagaagga gtctactgct cgcgttgcgt ctattatgga aaacaccaat ctttccaagc 780
 aacagcaggt ttccgagatt atgcgcaaaa tgcttactca agctcaaagc gctggtcagt 840
 attttaccaa tgaccaaacc aaagaaatga ctgcaaggt tagtgctgag gttgacttag 900
 ttcatcagca aacgcagaat cagcggatg gctcttctca tattggcgct actgcaaagg 960
 atatttctaa tgcgtcact gatgctgctt ctggtgtggt tgatattttt catggtattg 1020

 ataaagctgt tgccgatact tggaacaatt tctggaaaga cggtaaagct gatggtattg 1080
 gctctaattt gtctaggaat taaccgtcag gattgacacc ctccaattg tatgttttca 1140
 tgcctccaaa tcttggagggc tttttatgg ttcttctta ttacccttct gaatgtcacg 1200
 ctgattatgt tgacttttag cgtatcgagg ctcttaaac tgctattgag gcttgtggca 1260
 tttctactct ttctcaatcc ccaatgcttg gcttccataa gcagatggat aaccgcatca 1320
 agctcttggc agagattctg tcttttcgta tgcagggcgt tgagttcgat aatggtgata 1380
 tgtatgttga cggccataag gctgcttctg acgttcgtga tgagtttga tctgttactg 1440

 agaagttaat ggatgaattg gcacaatgct acaatgtgct cccccaactt gatattaata 1500
 acactataga ccaccgcccc gaaggggacg aaaaatggtt tttagagaac gagaagacgg 1560
 ttacgcagtt ttgccgcaag ctggctgctg aacgcctct taaggatatt cgcatgagat 1620
 ataattacc caaaaagaaa ggtattaagg atgagtgttc aagattgctg gaggcctcca 1680
 ctatgaaatc gcgtagagggc tttgtattc agcgtttgat gaatgcaatg cgacaggctc 1740
 atgctgatgg ttggtttatc gtttttgaca ctctcacgtt ggctgacgac cgattagagg 1800
 cgttttatga taatccaat gctttgcgtg actattttcg tgatattggt cgtatggttc 1860

 ttgctgccga gggtcgcaag gctaagtatt cacacgccga ctgctatcag tatttttgtg 1920
 tgcctgagta tggtagagct aatggccgtc ttcatctcca tgcggtgcac tttatgcgga 1980
 cacttctac aggttagcgtt gaccctaatt ttggtcgtcg ggtacgcaat cgccgccagt 2040
 taaatagctt gcaaaatagc tggccttatg gttacagtat gccatcgca gttcgtaca 2100
 cgcaggacgc tttttcacgt tctggttggg tttggcctgt tgatgctaaa ggtgagccgc 2160
 ttaaagctac cagtttatat gctgttgggt tctatgtggc taaatagctt aacaaaaagt 2220
 cagatatgga ccttgcgtct aaaggtctag gagctaaaga atggaacaac tcactaaaaa 2280

 ccaagctgtc gctacttccc aagaagctgt tcagaatcag aatgagccgc aacttcggga 2340
 tgaaaatgct cacaatgaca aatctgtcca cggagtgttt aatccaactt accaagctgg 2400
 gttacgacgc gacgccgttc aaccagatat tgaagcagaa cgcaaaaaga gagatgagat 2460

tgaggctggg aaaagtact gtagccgacg ttttggcggc gcaacctgtg acgacaaatc	2520
tgctcaaatt tatgcgcgct tcgataaaaa tgattggcgt atccaacctg cagagtttta	2580
tcgcttccat gacgcagaag ttaacacttt cggatatattc tgatgagtcg aaaaattatc	2640
ttgataaagc aggaattact actgcttggt tacgaattaa atcgaagtgg actgctggcg	2700
gaaaatgaga aaattcgacc tatccttgcg cagctcgaga agctcttact ttgcgacctt	2760
tcgccatcaa ctaacgattc tgtcaaaaac tgacgcgttg gatgaggaga agtggcttaa	2820
tatgcttggc acgttcgtca aggactgggt tagatatgag tcacattttg ttcattgtag	2880
agattctctt gttgacattt taaaagagcg tggattacta tctgagtcg atgctgttca	2940
accactaata ggtaagaaat catgagtcaa gttactgaac aatccgtacg tttccagacc	3000
gctttggcct ctattaagct cattcaggct tctgccgttt tggatttaac cgaagatgat	3060
ttcgattttc tgacgagtaa caaagtttgg attgctactg accgctctcg tgcctgctgc	3120
tgcgttgagg ctgctgttta tggtagctg gactttgtgg gataccctcg ctttctgct	3180
cctgttgagt ttattgctgc cgtcattgct tattatgttc atcccgtaa cattcaaacg	3240
gcctgtctca tcatggaagg cgctgaattt acggaaaaca ttattaatgg cgtcgagcgt	3300
ccggttaaag ccgctgaatt gttcgcgttt accttgcgtg tacgcgcagg aaacactgac	3360
gttcttactg acgcagaaga aaacgtgcgt caaaaattac gtgcggaagg agtgatgtaa	3420
tgtctaaagg taaaaaacgt tctggcgctc gccctggctg tccgcagccg ttgcgaggta	3480
ctaaaggcaa gcgtaaaggc gctcgtcttt ggtatgtagg tggtaacaa ttttaattgc	3540
aggggcttcg gccccttact tgaggataaa ttatgtctaa tattcaaact ggcgccgagc	3600
glatgccga tgacctttcc catcttggct tccttgcgtg tcagattggt cgtcttatta	3660
ccatttcaac tactccggtt atcgttggcg actccttcga gatggacgcc gttggcgctc	3720
tccgtctttc tccattgctg cgtggccttg ctattgactc tactgtagac atttttactt	3780
tttatgtccc tcatcgtcac gtttatggtg aacagtggat taagttcatg aaggatggtg	3840
ttaatgccac tctctcccg actgttaaca ctactgtta tattgaccat gccgcttttc	3900
ttggcacgat taacctgat accaataaaa tcctaagca tttgtttcag ggttatttga	3960
atatctataa caactatttt aaagcgccgt ggatgcctga ccgtaccgag gctaacccta	4020
atgagcttaa tcaagatgat gctcgttatg gtttccgttg ctgccatctc aaaaacattt	4080
ggactgctcc gcttctctt gagactgagc tttctcgcca aatgacgact tctaccacat	4140
ctattgacat tatgggtctg caagctgctt atgctaattt gcatactgac caagaacgtg	4200
attacttcat gcagcgttac catgatgtta tttcttcatt tggaggtaaa acctcttatg	4260
acgctgacaa ccgtccctta cttgcatgc gctctaactc ctgggcatct ggctatgatg	4320

ttgatggaac tgaccaaacg tcgttaggcc agttttctgg tcgtgttcaa cagacctata 4380

aacattctgt gccgcgtttc tttgttctcg agcatggcac tatgtttact cttgcgcttg 4440

ttcgttttcc gcctactcgg actaaagaga ttcagtacct taacgctaaa ggtgctttga 4500

cttataccga tattgctggc gaccctgttt tgtatggcaa cttgccgccg cgtgaaattt 4560

ctatgaagga tgttttccgt tctggtgatt cgtctaagaa gttaagatt gctgagggtc 4620

agtggtatcg ttatgcgcct tcgtatgttt ctctgtctta tcaccttctt gaaggcttcc 4680

cattcattca ggaaccgcct tctggtgatt tgcaagaacg cgtacttatt cgccaccatg 4740

attatgacca gtgtttccag tccgttcagt tgtgcagtg gaatagtcag gttaaattta 4800

atgtgaccgt ttatcgcaat ctgccgacca ctgcgattc aatcatgact tcgtgataaa 4860

agattgagtg tgaggttata acgccgaagc ggtaaaaatt ttaatttttg ccgctgaggg 4920

gttgaccaag cgaagcgccg taggttttct gcttaggagt ttaatcatgt ttcagacttt 4980

tatttctcgc cataattcaa acttttttct tgataagctg gttctcactt ctgttactcc 5040

agcttcttcg gcacctgttt tacagacacc taaagctaca tcgtcaacgt tatattttga 5100

tagtttgacg gttaatgctg gtaatggtgg ttttcttcat tgcattcaga tggatacatc 5160

tgtcaacgcc gctaatacagg ttgtttctgt tgggtgctgat attgcttttg atgccgaccc 5220

taaatttttt gccgttttgg ttcgctttga gtcttcttcg gttccgacta ccttcccac 5280

tgccatgat gtttatcctt tgaatggctg ccatgatggt gggtattata ccgtcaagga 5340

ctgtgtgact attgacgt 5358

<210> 182

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220><223> Polynucleotide used in the Examples

<400> 182

gcaatatcag caccaacaga aacaaccttt tttttttttt tttttttttt ttttttt 57