



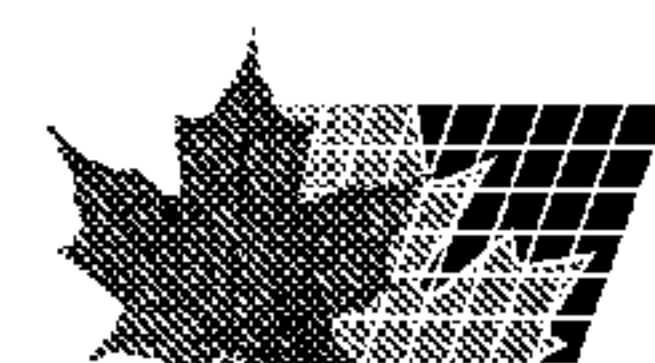
(86) Date de dépôt PCT/PCT Filing Date: 2003/04/28
(87) Date publication PCT/PCT Publication Date: 2003/11/13
(85) Entrée phase nationale/National Entry: 2004/10/20
(86) N° demande PCT/PCT Application No.: FR 2003/001328
(87) N° publication PCT/PCT Publication No.: 2003/093461
(30) Priorité/Priority: 2002/04/30 (02/05424) FR

(51) Cl.Int.⁷/Int.Cl.⁷ C12N 7/00, C12N 15/70, C12Q 1/68,
C12N 15/63, C12N 1/21, C07K 16/08, C12P 21/02,
C07K 14/01, G01N 33/53
(71) Demandeurs/Applicants:
INSTITUT PASTEUR, FR;
CENTRE NATIONAL DE LA RECHERCHE SCIENTIFIC
(CNRS), FR;
GENOSCOPE-CENTRE NATIONAL DE
SEQUENCAGE, FR
(72) Inventeurs/Inventors:
MARLIERE, PHILIPPE, FR;
KAMINSKI, PIERRE-ALEXANDRE, FR;
GALISSON, FREDERIQUE, CH;
...

(54) Titre : BANQUE GENOMIQUE DU CYANOPHAGE S-2L ET ANALYSE FONCTIONNELLE
(54) Title: GENOMIC LIBRARY OF CYANOPHAGE S-2L AND FUNCTIONAL ANALYSIS

(57) **Abrégé/Abstract:**

L présente invention a pour objet la séquence génomique et des séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides du cyanophage S-2L. Les polypeptides décrits dans la présente invention sont, de façon non limitative, des polypeptides impliqués dans la synthèse, la transcription et la réplication des bases puriques. En particulier, la détermination du génome du cyanophage S-2L est un outil utile pour la fourniture de gènes, qui exprimés dans des bactéries recombinantes, permettent la sythèse de monomères d'ADN incorporant la base D (2,6 diaminopurine) au lieu de la base A (adénine) et ainsi de produire des acides nucléiques chimiquement remodelés chez les bactéries.



(72) **Inventeurs(suite)/Inventors(continued):** BOUZON, MADELEINE, FR; POCHET, SYLVIE, FR; WEISSENBAACH, JEAN, FR; SAURIN, WILLIAM, FR; ROBERT, CATHERINE, FR; VICO, VIRGINIE, FR

(74) **Agent:** ROBIC

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

VERSION CORRIGÉE

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international(43) Date de la publication internationale
13 novembre 2003 (13.11.2003)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 2003/093461 A3(51) Classification internationale des brevets⁷ : C12N 7/00,
C07K 14/01, 16/08, C12Q 1/68, G01N 33/53, C12N
15/63, 15/70, 1/21, C12P 21/02VICO, Virginie [FR/FR]; 2, rue Gaston Crémieux, F-91057
Evry (FR).(21) Numéro de la demande internationale :
PCT/FR2003/001328(74) Mandataire : SANTARELLI; 14, avenue de la Grande-
Armée, Boîte postale 237, F-75822 Paris Cedex 17 (FR).

(22) Date de dépôt international : 28 avril 2003 (28.04.2003)

(81) États désignés (*national*) : AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ,
DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM,
HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK,
LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX,
MZ, NI, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE,
SG, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ,
VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(25) Langue de dépôt : français

(26) Langue de publication : français

(30) Données relatives à la priorité :
02/05424 30 avril 2002 (30.04.2002) FR(71) Déposants (*pour tous les États désignés sauf US*) : INSTI-
TUT PASTEUR [FR/FR]; 25-28, rue du Docteur-Roux,
F-75015 Paris (FR). CENTRE NATIONAL DE LA
RECHERCHE SCIENTIFIQUE (CNRS) [FR/FR]; 3,
rue Michel Ange, F-75016 Paris (FR). GENOSCOPE
-CENTRE NATIONAL DE SEQUENCAGE [FR/FR];
2, rue Gaston Crémieux, F-91000 Evry (FR).(84) États désignés (*régional*) : brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), brevet
eurasien (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet
européen (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI,
FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PT, RO, SE, SI, SK,
TR), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ,
GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (*pour US seulement*) : MAR-
LIERE, Philippe [FR/FR]; 2, allée Saint-Martin, F-91450
Etiolles (FR). KAMINSKI, Pierre-Alexandre [FR/FR]; 4,
rue Bailly, F-75003 Paris (FR). GALISSON, Frédérique
[FR/CH]; 35, chemin de Bonne Espérance, CH-1006
Lausanne (CH). BOUZON, Madeleine [FR/FR]; 4,
rue des Capucins, F-92190 Meudon (FR). POCHET,
Sylvie [FR/FR]; 201, rue Lecourbe, F-75015 Paris (FR).
WEISSENBACH, Jean [FR/FR]; 163, rue de Vaugirard,
F-75015 Paris (FR). SAURIN, William [FR/FR]; 31, rue
de la Procession, F-75015 Paris (FR). ROBERT, Cather-
ine [FR/FR]; 2, rue Gaston Crémieux, F-91057 Evry (FR).

Publiée :

— avec rapport de recherche internationale

(88) Date de publication du rapport de recherche
internationale: 1 avril 2004(48) Date de publication de la présente version corrigée:
24 juin 2004(15) Renseignements relatifs à la correction:
voir la Gazette du PCT n° 26/2004 du 24 juin 2004, Sec-
tion II

[Suite sur la page suivante]

(54) Title: GENOMIC LIBRARY OF CYANOPHAGE S-2L AND FUNCTIONAL ANALYSIS

(54) Titre : BANQUE GENOMIQUE DU CYANOPHAGE S-2L ET ANALYSE FONCTIONNELLE

(57) Abstract: The invention relates to the genome sequence and the nucleotide sequences coding for polypeptides of cyanophage S-2L. According to the invention, the polypeptides include, but are not limited to, polypeptides involved in the synthesis, transcription and replication of purine bases. In particular, determining the genome of cyanophage S-2L is useful for supplying genes which, expressed in recombinant bacteria, enable the synthesis of DNA monomers incorporating base D (2,6 diaminopurine) instead of base A (adenine), thereby producing chemically-remodelled nucleic acids in the bacteria.

(57) Abrégé : L présente invention a pour objet la séquence génomique et des séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides du cyanophage S-2L. Les polypeptides décrits dans la présente invention sont, de façon non limitative, des polypeptides impliqués dans la synthèse, la transcription et la réplication des bases puriques. En particulier, la détermination du génome du cyanophage S-2L est un outil utile pour la fourniture de gènes, qui exprimés dans des bactéries recombinantes, permettent la sythèse de mono-mères d'ADN incorporant la base D (2,6 diaminopurine) au lieu de la base A (adénine) et ainsi de produire des acides nucléiques chimiquement remodelés chez les bactéries.



WO 2003/093461 A3

WO 2003/093461 A3



En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abréviations, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de la Gazette du PCT.

Banque génomique du cyanophage S-2L et analyse fonctionnelle

5 La présente invention a pour objet la séquence génomique et des séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides du cyanophage S-2L. Les polypeptides décrits dans la présente invention sont, de façon non limitative, des polypeptides impliqués dans la synthèse, la transcription et la réplication des bases puriques. En particulier, la détermination du génome du cyanophage S-2L est un outil utile pour la
10 fourniture de gènes, qui exprimés dans des bactéries recombinantes, permettent la synthèse de monomères d'ADN incorporant la base D (2,6 diaminopurine) au lieu de la base A (adénine) et ainsi de produire des acides nucléiques chimiquement remodelés chez les bactéries.

L'invention concerne également l'utilisation de la séquence génomique et/ou
15 des séquences nucléotidiques et/ou polypeptidiques décrites dans la présente invention pour l'analyse de l'expression de gènes.

Les deux acides nucléiques principaux ADN et ARN sont des polymères de nucléotides qui sont composés d'une base purine ou pyrimidine liée à un sucre à 5 carbones (désoxyribose dans le cas de l'ADN, ribose dans l'ARN) par une liaison N-
20 glycosidique et un phosphate estérifié au groupement hydroxyl du carbone situé à la position 5' du sucre. ARN et ADN contiennent quatre types de nucléotides qui se distinguent par leurs bases : adénine (A), guanine (G), cytosine (C) et uracile (U) pour l'ARN ; le 5-méthyluracile, c'est-à-dire la thymine (T), remplaçant l'uracile dans l'ADN.

25 Parmi les altérations chimiques de l'ADN et de l'ARN possibles seules des modifications des bases et non du sucre ont été observées. Contrairement à l'ADN aucun ARN modifié n'a pu être répliqué à ce jour.

Des bases modifiées s'observent dans l'ADN de tous les organismes, et peuvent être impliquées dans des phénomènes de régulation de l'expression génétique (5).
30 Sauf chez les bactériophages, les modifications de l'ADN connues jusqu'à présent sont produites par des réactions enzymatiques post-répliquatives, dont un duplex d'ADN est le substrat.

2

Au contraire, lors de l'infection par certains bactériophages, les modifications de l'ADN connues jusqu'à présent sont produites par des réactions enzymatiques pré-répliquatives, dont un nucléotide est le substrat, pour aboutir à un désoxynucléoside triphosphate non-canonique. Parmi les modifications connues on citera les entités :
5 dUTP, 5-hydroxyméthyl-dUTP, 5-dihydroxypentyl-dUTP, 5-hydroxyméthyl-dCTP. Une autre entité est fortement suspectée : le 5-méthyl-dCTP (11). L'émergence des bases modifiées chez les bactériophages est généralement interprétée comme une contre-mesure aux systèmes de restriction des bactéries (11).

Quelques exemples de bases modifiées sont représentés sur la figure 1.

10 Le bromouracile ou la 8-azaguanine sont des analogues synthétiques des bases naturelles thymine et guanine. Ces analogues sont convertis en nucléotides triphosphate par les voies de sauvegarde des purines ou pyrimidines et sont ensuite incorporés dans l'ADN.

La 6-méthyladénine et la 5-méthylcytosine sont les bases modifiées les plus
15 fréquemment rencontrées. Les nucléotides méthylés ne sont pas incorporés en tant que tel dans l'ADN mais sont le produit de l'action d'ADN méthyltransférases spécifiques. Ces enzymes transfèrent le groupement méthyl de la S-adénosylméthionine à l'adénine ou la cytosine et ce après la réplication de l'ADN. Chez les procaryotes le rôle principal de la méthylation de l'ADN est la dégradation
20 de l'ADN étranger. Chez les eucaryotes la méthylation de l'ADN influe sur la régulation de l'expression des gènes et sur la différenciation cellulaire.

Chez certaines phages de type T comme le bactériophage T4, la cytosine est remplacée systématiquement par la 5-hydroxyméthylcytosine. Cette substitution nécessite d'une part une voie de biosynthèse de l'hydroxyméthyl-désoxycytidine tri-
25 phosphate (HM dCTP) ainsi que des enzymes permettant l'exclusion de la base normale.

La voie de biosynthèse de l'HMC DNA fait intervenir une hydroxyméthylase qui convertit le dCMP en hydroxyméthyl dCMP, une nucléoside monophosphate kinase qui phosphoryle le HM dCMP pour donner le diphosphate, précurseur du HM
30 dCTP qui est ensuite incorporé dans l'ADN polymérase puis glycosylé par une glycosyltransférase.

L'exclusion de la cytosine fait intervenir d'une part des endonucléases

spécifiques de l'ADN contenant cette base et une dCDPase-dCTPase qui convertit les nucléotides correspondant en dCMP qui est alors substrat de la dCMP hydroxyméthylase et de la dCMP désaminase. La dCMP désaminase génère le dUMP précurseur du dTMP.

- 5 Par un mécanisme similaire à celui décrit ci-dessus, la thymine est remplacée par le 5-hydroxyméthyluracile (phages SPO1 et ϕ e) ou l'uracile (phages PBS2) chez plusieurs phages de *Bacillus subtilis* (Warren, 1980 ; Kornberg et Baker, 1991).

D'autres phages tel SP15 ou ϕ W14 ont un ADN dont la thymine a été remplacée par la 5-dihydroxypentyluracile et l' α -putrescinyllthymine. Cependant, ce
10 remplacement n'est que partiel et semble être dû à des modifications post-répliques.

Dans le cas de S-2L, la voie de synthèse de la base D n'est pas encore parfaitement établie et la modification post-réplique de l'adénine en diamino-
purine ne peut être totalement écartée. Cependant, la biosynthèse du monomère non-
15 canonique dDTP apparaît comme significativement plus vraisemblable, compte tenu du fait que le remplacement de A par D dans l'ADN de S-2L est total et non majoritaire (7,8), comme c'est le cas pour les modifications post-répliques d'hydroxyméthyl-U en putrescinyll-T dans le phage ϕ W14. De plus, la modification de A en D in situ nécessiterait la rupture des liaisons hydrogène des duplex d'ADN
20 et, pouvant difficilement s'effectuer en une seule étape chimique, introduirait des lésions mutagènes si ce processus était interrompu.

Le cyanophage S-2L

Le cyanophage S-2L a été isolé d'échantillons d'eau prélevés dans la région de
25 Léninegrad. Ce phage est capable de lyser un nombre relativement restreint de *Synechococcus*: sp. 698, 58 et PCC6907. D'un point de vue morphologique il se compose d'une tête icosaédrique et d'une queue flexible non contractile. S-2L ferait partie d'une famille dont l'autre membre pourrait être le phage SM-2 qui lui est morphologiquement similaire (Fox et coll. 1976).

30 L'ADN du phage S-2L est linéaire double brin d'une taille de 42 kb composé de 70% G:C et de 30% d'une paire équivalente à A:T dans laquelle l'adénine a été remplacée par la 2,6 diaminopurine (D). Ce remplacement est total et aucune autre

base n'a pu être identifiée (Kirnos et coll., 1977 ; Khudyokov et coll., 1978). Comme on l'a vu précédemment, seuls des remplacements totaux de bases pyrimidines ont été rapportés, S-2L est jusqu'à ce jour le seul cas pour une base purine.

Comme dans les paires G:C trois liaisons hydrogène sont formées entre la purine et la pyrimidine de la paire D:T ce qui confère à l'ADN une plus grande stabilité.

La présence de la base D dans l'ADN de S-2L entraîne une résistance à la digestion par les endonucléases de restriction possédant un A dans leur site de reconnaissance (l'enzyme de restriction TaqI étant la seule exception). Par contre, la paire D:T semble être reconnue comme une paire G:C par les enzymes de restriction clivant les séquences riches en G:C comme SmaI (Szekeres et Matveyev, A.V., 1978).

Compte tenu du fait que le remplacement de la base A par D est total et non majoritaire, il est fort vraisemblable que le génome du phage S-2L code pour au moins une voie de biosynthèse de la base D.

Au vu de l'art antérieur, l'étude du cyanophage S-2L demande de nouvelles approches, en particulier génétiques, afin d'améliorer la compréhension des différentes voies métaboliques de cet organisme.

Ainsi, un objet de la présente invention est de divulguer la séquence complète du génome du cyanophage S-2L et de tous les gènes contenus dans cedit génome.

En effet, la connaissance du génome de cet organisme permet de mieux définir les interactions entre les différents gènes, les différentes protéines, et par là-même, les différentes voies métaboliques. En effet, et contrairement à la divulgation de séquences isolées, la séquence génomique complète d'un organisme forme un tout, permettant d'obtenir immédiatement toutes les informations nécessaires à cet organisme pour croître et fonctionner.

L'invention vise en particulier à séquencer le génome du phage S-2L, de manière à obtenir un gisement de gènes qui, une fois propagés isolément et exprimés sous contrôle dans des bactéries recombinantes, sont destinés notamment à former par voie biotechnologique de nouveaux monomères de l'ADN et à produire, voir répliquer, des acides nucléiques chimiquement remodelés chez les bactéries.

L'invention vise également à utiliser des séquences nucléotidiques obtenues

pour l'identification des voies métaboliques conduisant à la production des bases D.

L'invention vise également à la production enzymatique d'analogues de désoxynucléosides très utiles notamment dans la chimiothérapie du SIDA.

L'invention vise également à exprimer chez un hôte du cyanophage S2L des
5 acides nucléiques codant pour des protéines impliquées dans le métabolisme des bases D.

Ainsi l'invention vise également à obtenir des gènes de S-2L qui propagés individuellement chez *E.coli* et exprimés sous strict contrôle transcriptionnel permettront de tester les hypothèses concernant leur fonction dans le métabolisme
10 des nucléotides, la réplication et la transcription.

Pour atteindre les différents résultats techniques recherchés, l'invention concerne selon un premier aspect une séquence nucléotidique du cyanophage S-2L correspondant à SEQ ID N° 1.

La présente invention concerne également une séquence nucléotidique du
15 cyanophage S-2L choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec SEQ ID N° 1 ;
- b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec SEQ ID N° 1 ;
- 20 c) une séquence nucléotidique complémentaire de SEQ ID N° 1 ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), ou b), ou une séquence nucléotidique de l'ARN correspondant ;
- d) une séquence nucléotidique de fragment représentatif de SEQ ID N° 1, ou de fragment représentatif d'une séquence nucléotidique telle que
25 définie en a), b) ou c);
- e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e).

30 De façon plus particulière, la présente invention a également pour objet les séquences nucléotidiques caractérisées en ce qu'elles sont issues de SEQ ID N° 1 et en ce qu'elles codent pour des polypeptides choisis parmi les séquences SEQ ID N° 2

à SEQ ID N° 527 ou un fragment biologiquement actif de ces polypeptides.

De plus, l'invention concerne également les séquences nucléotidiques caractérisées en ce qu'elles comprennent une séquence nucléotidique choisie parmi :

- 5 a) une séquence nucléotidique issue de SEQ ID N° 1 et codant pour un polypeptide choisi parmi les séquences parmi SEQ ID N° 2 à SEQ ID N° 527.
- b) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité avec une séquence nucléotidique selon a) ;
- 10 c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique selon a) ou b);
- d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;
- e) une séquence nucléotidique de fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- 15 f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e),

De préférence l'invention concerne une séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide choisi parmi :

- 20 a) les polypeptides du cyanophage S-2L de séquences SEQ ID N°2 à SEQ ID N°527 ;
- b) de préférence les 54 polypeptides mentionnés sur le tableau 1 à savoir: SEQ ID N°14,18,26,68,86,92,105,109,134,142,143,148,152,169,175,187, 208,211, 234,246, 250,257,264,286,298,316,332,342,347,348,351,355,364,365, 369,370,392,395, 406, 25 418,422,425,429,432,433,454,464,466,472,484,489,494,500 ;
- c) de préférence encore les 14 polypeptides du cyanophage S-2L indiqués sur le tableau 1 comme présentant une homologie significative à savoir les séquences SEQ ID N° 86,92,152,175,234,257,298,316,395,406,425,484 ;
- d) les polypeptides présentant au moins 80 % de préférence 85 %, 90 %, 95 % 30 et 98 % d'identité avec un polypeptide de a), b) ,c) ;
- e) les fragments biologiquement actifs des polypeptides de a), b), c), d)
- f) les polypeptides modifiés de a),b),c),d),e).

L'invention concerne également une séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle comprend une séquence nucléotidique choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique telle que définie ci-dessus ;
- b) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 % d'identité avec
5 une séquence nucléotidique de a) ;
- c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique de a) ou b) ;
- d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;
- 10 e) une séquence nucléotidique de fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e).

Par acide nucléique, séquence nucléique ou d'acide nucléique, polynucléotide,
15 oligonucléotide, séquence de polynucléotide, séquence nucléotidique, termes qui seront employés indifféremment dans la présente description, on entend désigner un enchaînement précis de nucléotides, modifiés ou non, permettant de définir un fragment ou une région d'un acide nucléique, comportant ou non des nucléotides non naturels, et pouvant correspondre aussi bien à un ADN double brin, un ADN simple
20 brin que des produits de transcription desdits ADNs. Ainsi, les séquences nucléiques selon l'invention englobent également les PNA (Peptid Nucleic Acid), ou analogues.

Il doit être compris que la présente invention ne concerne pas les séquences nucléotidiques dans leur environnement chromosomique naturel, c'est-à-dire à l'état naturel. Il s'agit de séquences qui ont été isolées et/ou purifiées, c'est-à-dire qu'elles
25 ont été prélevées directement ou indirectement, par exemple par copie, leur environnement ayant été au moins partiellement modifié. On entend ainsi également désigner les acides nucléiques obtenus par synthèse chimique.

Par « pourcentage d'identité » entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés au sens de la présente invention, on entend désigner un pourcentage de
30 nucléotides ou de résidus d'acides aminés identiques entre les deux séquences à comparer, obtenu après le meilleur alignement, ce pourcentage étant purement statistique et les différences entre les deux séquences étant réparties au hasard et sur

toute leur longueur. On entend désigner par "meilleur alignement" ou "alignement optimal", l'alignement pour lequel le pourcentage d'identité déterminé comme ci-après est le plus élevé. Les comparaisons de séquences entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés sont traditionnellement réalisées en comparant ces séquences après les avoir alignées de manière optimale, ladite comparaison étant réalisée par segment ou par « fenêtre de comparaison » pour identifier et comparer les régions locales de similarité de séquence. L'alignement optimal des séquences pour la comparaison peut être réalisé, outre manuellement, au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Smith et Waterman (1981, Ad. App. Math. 2 : 482), au moyen de l'algorithme d'homologie locale de Neddleman et Wunsch (1970, J. Mol. Biol. 48 : 443), au moyen de la méthode de recherche de similarité de Pearson et Lipman (1988, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 : 2444), au moyen de logiciels informatiques utilisant ces algorithmes (GAP, BESTFIT, BLAST P, BLAST N, FASTA et TFASTA dans le Wisconsin Genetics Software Package, Genetics Computer Group, 575 Science Dr., Madison, WI). Afin d'obtenir l'alignement optimal, on utilise de préférence le programme BLAST, avec la matrice BLOSUM 62. On peut également utiliser les matrices PAM ou PAM250.

Le pourcentage d'identité entre deux séquences d'acides nucléiques ou d'acides aminés est déterminé en comparant ces deux séquences alignées de manière optimale dans laquelle la séquence d'acides nucléiques ou d'acides aminés à comparer peut comprendre des additions ou des délétions par rapport à la séquence de référence pour un alignement optimal entre ces deux séquences. Le pourcentage d'identité est calculé en déterminant le nombre de positions identiques pour lesquelles le nucléotide ou le résidu d'acide aminé est identique entre les deux séquences, en divisant ce nombre de positions identiques par le nombre total de positions comparées et en multipliant le résultat obtenu par 100 pour obtenir le pourcentage d'identité entre ces deux séquences.

Par séquences nucléiques présentant un pourcentage d'identité d'au moins 80 %, de préférence 85 % ou 90 %, de façon plus préférée 95 % voire 98 %, après alignement optimal avec une séquence de référence, on entend désigner les séquences nucléiques présentant, par rapport à la séquence nucléique de référence, certaines modifications comme en particulier une délétion, une troncation, un allongement, une fusion chimérique et/ou une substitution, notamment ponctuelle, et dont la séquence nucléique

présente au moins 80 %, de préférence 85 %, 90 %, 95 % ou 98 %, d'identité après alignement optimal avec la séquence nucléique de référence. Il s'agit de préférence de séquences dont les séquences complémentaires sont susceptibles de s'hybrider spécifiquement avec les séquences de référence. De préférence, les conditions
5 d'hybridation spécifiques ou de forte stringence seront telles qu'elles assurent au moins 80 %, de préférence 85 %, 90 %, 95 % ou 98 % d'identité après alignement optimal entre l'une des deux séquences et la séquence complémentaire de l'autre.

Une hybridation dans des conditions de forte stringence signifie que les conditions de température et de force ionique sont choisies de telle manière qu'elles
10 permettent le maintien de l'hybridation entre deux fragments d'ADN complémentaires. A titre illustratif, des conditions de forte stringence de l'étape d'hybridation aux fins de définir les fragments polynucléotidiques décrits ci-dessus, sont avantageusement les suivantes.

L'hybridation ADN-ADN ou ADN-ARN est réalisée en deux étapes : (1)
15 préhybridation à 42°C pendant 3 heures en tampon phosphate (20 mM, pH 7,5) contenant 5 x SSC (1 x SSC correspond à une solution 0,15 M NaCl + 0,015 M citrate de sodium), 50 % de formamide, 7 % de sodium dodécyl sulfate (SDS), 10 x Denhardt's, 5 % de dextran sulfate et 1 % d'ADN de sperme de saumon ; (2) hybridation proprement dite pendant 20 heures à une température dépendant de la taille
20 de la sonde (i.e. : 42°C, pour une sonde de taille > 100 nucléotides) suivie de 2 lavages de 20 minutes à 20°C en 2 x SSC + 2 % SDS, 1 lavage de 20 minutes à 20°C en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS. Le dernier lavage est pratiqué en 0,1 x SSC + 0,1 % SDS pendant 30 minutes à 60°C pour une sonde de taille > 100 nucléotides. Les conditions d'hybridation de forte stringence décrites ci-dessus pour un polynucléotide de taille
25 définie, peuvent être adaptées par l'homme du métier pour des oligonucléotides de taille plus grande ou plus petite, selon l'enseignement de Sambrook et al., (1989, Molecular cloning : a laboratory manual. 2nd Ed. Cold Spring Harbor).

De plus, par fragment représentatif de séquences selon l'invention, on entend désigner tout fragment nucléotidique présentant au moins 15 nucléotides, de
30 préférence au moins 20, 30, 75, 150, 300 et 450 nucléotides consécutifs de la séquence dont il est issu. On entend en particulier une séquence nucléique codant pour un fragment biologiquement actif d'un polypeptide, tel que défini plus loin,

notamment d'un polypeptide de séquence SEQ ID N°2 à 527.

Par fragment représentatif, on entend également les séquences intergéniques, et en particulier les séquences nucléotidiques portant les signaux de régulation (promoteurs, terminateurs, voire enhancers...).

- 5 Parmi lesdits fragments représentatifs, on préfère ceux ayant des séquences nucléotidiques correspondant à des cadres ouverts de lecture, dénommés séquences ORFs (ORF pour « Open Reading Frame »), compris en général entre un codon d'initiation et un codon stop, ou entre deux codons stop, et codant pour des polypeptides, de préférence d'au moins 30 acides aminés, tel que par exemple, sans
10 s'y limiter, les séquences ORFs qui seront décrites par la suite.

La numérotation des séquences nucléotidiques ORFs qui sera utilisée par la suite dans la présente description correspond à la numérotation des séquences d'acides aminés des protéines codées par lesdites ORFs.

- Ainsi, les séquences nucléotidiques ORF2, ORF3..., ORF526 et ORF527
15 codent respectivement pour les protéines de séquences d'acides aminés SEQ ID N° 2, SEQ ID N° 3..., SEQ ID N° 526 et SEQ ID N° 527 figurant dans la liste de séquences de la présente invention. Les séquences nucléotidiques détaillées des séquences ORF2, ORF3..., ORF526 et ORF527 sont déterminées par leur position respective sur la séquence génomique SEQ ID N° 1 du cyanophage S2L. Le tableau 1
20 fournit les coordonnées de 54 ORFs préférées par rapport à la séquence nucléotidique SEQ ID N° 1, en donnant le nucléotide de départ, le nucléotide de fin d'ORF, et le cadre de lecture +1,2,3 ou -1,2,3 tel qu'expliqué ci-après. Le listing des séquences indique pour chacune des 526 ORF identifiées, numérotées ORF2 à ORF527, le cadre de lecture. Pour une parfaite concordance des numérotations des ORF et des
25 SEQ ID dans le listing de séquence, on a choisi de faire débiter les ORF au numéro 2 (il n'y a donc pas d'ORF 1). Il est entendu que la séquence SEQ ID N°1 est un brin ADN dans l'orientation 5'-3', la séquence SEQ ID N°2 est une séquence protéique codée par l'ORF N°2. Un cadre « positif » de +1 correspond au cadre de lecture désigné +1 commençant au nucléotide nt 3 de la SEQ ID N°1 (1^{er} codon de l'ORF2
30 situé sur ce cadre de lecture et commençant au nt 9 de SEQ ID N°1 : TCG qui correspond à la sérine S ; 2^{ème} codon de l'ORF 2 selon ce cadre : GAG qui correspond à l'acide glutamique E). Un cadre +2 correspond au cadre de lecture

11

désigné +2 et commençant au nucléotide nt 1 de la SEQ ID N°1 (1^{er} codon de l'ORF 4 situé sur ce cadre de lecture et commençant au nt 10 de SEQ ID N°1 : CGG qui correspond à l'arginine R ; 2^{ème} codon de l'ORF 4 selon ce cadre : AGG qui correspond à l'arginine R). Un cadre +3 correspond au cadre de lecture désigné +3
 5 commençant au nucléotide nt 2 de la SEQ ID N°1 (1^{er} codon de l'ORF 5 situé sur ce cadre de lecture et commençant au nt35 de SEQ ID N°1 : CGT qui correspond à l'arginine R ; 2^{ème} codon de l'ORF 5 selon ce cadre : TCA qui correspond à la sérine S).

Ainsi l'ORF 2 commence au nt n°9 de SEQ ID n°1 (c'est à dire la base T) et
 10 s'arrête au nt n°515 (c'est à dire la base G). L'ORF 4 commence au nt n°10 de SEQ ID n°1 (c'est à dire la base T) et s'arrête au nt n°342 (c'est à dire la base G). L'ORF 5 commence au nt n°35 de SEQ ID n°1 (c'est à dire la base C) et s'arrête au nt n°280 (c'est à dire la base A).

A l'inverse, un cadre négatif correspond au brin complémentaire antiparallèle
 15 du brin positif. Par exemple pour une séquence ATG sur le brin positif dans le sens 5'-3', la séquence sur le brin complémentaire TAC se lira CAT. Par exemple pour l'ORF 3 (nt 9 à nt 791), le brin complémentaire des nucléotides 782 à 791 (CCT CGA TAG) est (GGA GCT ATC) se lisant dans le sens négatif CTA TCG AGG qui correspondent respectivement aux acides aminés L, S, R.

20 Les fragments représentatifs selon l'invention peuvent être obtenus par exemple par amplification spécifique telle que la PCR ou après digestion par des enzymes de restriction appropriés de séquences nucléotidiques selon l'invention, cette méthode étant décrite en particulier dans l'ouvrage de Sambrook et al.. Lesdits fragments représentatifs peuvent également être obtenus par synthèse chimique
 25 lorsque leur taille n'est pas trop importante, selon des méthodes bien connues de l'homme du métier.

Parmi les séquences contenant des séquences de l'invention, ou des fragments représentatifs, on entend également les séquences qui sont naturellement encadrées par des séquences qui présentent au moins 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ou 98 %
 30 d'identité avec les séquences selon l'invention.

Par séquence nucléotidique modifiée, on entend toute séquence nucléotidique obtenue par mutagénèse selon des techniques bien connues de l'homme du métier, et

12

comportant des modifications par rapport aux séquences normales, par exemple des mutations dans les séquences régulatrices et/ou promotrices de l'expression du polypeptide, notamment conduisant à une modification du taux d'expression ou de l'activité dudit polypeptide.

- 5 Par séquence nucléotidique modifiée, on entend également toute séquence nucléotidique codant pour un polypeptide modifié tel que défini ci-après.

La présente invention fournit toutes les séquences nucléotidiques et polypeptidiques du génome du cyanophage S-2L. Par ailleurs, il est un objet de la présente invention que de divulguer les fonctions de ces gènes et protéines.

- 10 Les gènes décrits dans l'invention ont été isolés sur des fragments d'ADN grâce à des amorces déduites de la séquence du cyanophage S-2L.

- De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le métabolisme des nucléotides, des purines,
15 des pyrimidines ou nucléosides. Dans ce texte, le terme « fragment représentatif » pour un peptide signifie un fragment biologiquement actif de ce peptide (ayant une activité d'au moins 10, 20, 50, 100% de l'activité obtenue avec ce peptide).

- En particulier l'invention est relative à une séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L ou un de ses fragments
20 représentatifs impliqué dans le métabolisme des nucléotides bases D, notamment un peptide de séquence SEQ ID N° 175 ou un des ses fragement représentatifs.

- De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le processus de réplication, notamment un
25 peptide de séquence SEQ ID N°14,18,142,355,429,454 ou un de leurs fragments représentatifs.

- De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide d'enveloppe, notamment de capsid, de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs, notamment un
30 peptide de séquence SEQ ID N°169,316,351,392,395,406,422,425 ou un de leurs fragments représentatifs.

13

De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L ou un de ses fragments impliqué dans le le détournement de la machinerie cellulaire.

5 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le processus de transcription, notamment un peptide de séquence SEQ ID N°92,143,187,234 ou un de leurs fragments représentatifs.

10 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le processus de virulence virale, notamment un peptide de séquence SEQ ID N° 257 ou un fragment représentatif.

15 De manière préférée, l'invention est relative à une séquence nucléotidique selon l'invention caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans les fonctions relatives aux transposons notamment un peptide de séquence SEQ ID N°208 ou un de ses fragments représentatifs.

20 Les fragments représentatifs de séquences nucléotidiques selon l'invention peuvent également être des sondes ou amorces, qui peuvent être utilisées dans des procédés de détection, d'identification, de dosage ou d'amplification de séquences nucléiques.

25 Une sonde ou amorce se définit, au sens de l'invention, comme étant un fragment d'acides nucléiques simple brin ou un fragment double brin dénaturé comprenant par exemple de 12 bases à quelques kb, notamment de 15 à quelques centaines de bases, de préférence de 15 à 50 ou 100 bases, et possédant une spécificité d'hybridation dans des conditions déterminées pour former un complexe d'hybridation avec un acide nucléique cible.

30 Les sondes et amorces selon l'invention peuvent être marquées directement ou indirectement par un composé radioactif ou non radioactif par des méthodes bien connues de l'homme du métier, afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

Les séquences de polynucléotides selon l'invention non marquées peuvent être utilisées directement comme sonde ou amorce.

Les séquences sont généralement marquées pour obtenir des séquences utilisables pour de nombreuses applications. Le marquage des amorces ou des sondes selon
5 l'invention est réalisé par des éléments radioactifs ou par des molécules non radioactives.

Parmi les isotopes radioactifs utilisés, on peut citer le ^{32}P , le ^{33}P , le ^{35}S , le ^3H ou le ^{125}I . Les entités non radioactives sont sélectionnées parmi les ligands tels la biotine, l'avidine, la streptavidine, la dioxygénine, les haptènes, les colorants, les agents
10 luminescents tels que les agents radioluminescents, chémoluminescents, bioluminescents, fluorescents, phosphorescents.

Les polynucléotides selon l'invention peuvent ainsi être utilisés comme amorce et/ou sonde dans des procédés mettant en oeuvre notamment la technique de PCR (amplification en chaîne par polymérase) (Rolfs et al., 1991, Berlin : Springer-Verlag).
15 Cette technique nécessite le choix de paires d'amorces oligonucléotidiques encadrant le fragment qui doit être amplifié. On peut, par exemple, se référer à la technique décrite dans le brevet américain U.S. N° 4,683,202. Les fragments amplifiés peuvent être identifiés, par exemple après une électrophorèse en gel d'agarose ou de polyacrylamide, ou après une technique chromatographique comme la filtration sur gel
20 ou la chromatographie échangeuse d'ions, puis séquencés. La spécificité de l'amplification peut être contrôlée en utilisant comme amorce les séquences nucléotidiques de polynucléotides de l'invention comme matrice, des plasmides contenant ces séquences ou encore les produits d'amplification dérivés. Les fragments nucléotidiques amplifiés peuvent être utilisés comme réactifs dans des réactions
25 d'hybridation afin de mettre en évidence la présence, dans un échantillon biologique, d'un acide nucléique cible de séquence complémentaire à celle desdits fragments nucléotidiques amplifiés.

L'invention vise également les acides nucléiques susceptibles d'être obtenus par amplification à l'aide d'amorces selon l'invention.

30 D'autres techniques d'amplification de l'acide nucléique cible peuvent être avantageusement employées comme alternative à la PCR (PCR-like) à l'aide de couple d'amorces de séquences nucléotidiques selon l'invention. Par PCR-like on entend

désigner toutes les méthodes mettant en œuvre des reproductions directes ou indirectes des séquences d'acides nucléiques, ou bien dans lesquelles les systèmes de marquage ont été amplifiés, ces techniques sont bien entendu connues, en général il s'agit de l'amplification de l'ADN par une polymérase ; lorsque l'échantillon d'origine est un

5 ARN il convient préalablement d'effectuer une transcription reverse. Il existe actuellement de très nombreux procédés permettant cette amplification, comme par exemple la technique SDA (Strand Displacement Amplification) ou technique d'amplification à déplacement de brin (Walker et al., 1992, Nucleic Acids Res. 20 : 1691), la technique TAS (Transcription-based Amplification System) décrite par Kwoh

10 et al. (1989, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 1173), la technique 3SR (Self-Sustained Sequence Replication) décrite par Guatelli et al. (1990, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87: 1874), la technique NASBA (Nucleic Acid Sequence Based Amplification) décrite par Kievitis et al. (1991, J. Virol. Methods, 35, 273), la technique TMA (Transcription Mediated Amplification), la technique LCR (Ligase Chain Reaction) décrite par

15 Landegren et al. (1988, Science 241, 1077), la technique de RCR (Repair Chain Reaction) décrite par Segev (1992, Kessler C. Springer Verlag, Berlin, New-York, 197-205), la technique CPR (Cycling Probe Reaction) décrite par Duck et al. (1990, Biotechniques, 9, 142), la technique d'amplification à la Q-béta-réplase décrite par Miele et al. (1983, J. Mol. Biol., 171, 281). Certaines de ces techniques ont depuis été

20 perfectionnées.

Dans le cas où le polynucléotide cible à détecter est un ARNm, on utilise avantageusement, préalablement à la mise en œuvre d'une réaction d'amplification à l'aide des amorces selon l'invention ou à la mise en œuvre d'un procédé de détection à l'aide des sondes de l'invention, une enzyme de type transcriptase inverse afin

25 d'obtenir un ADNc à partir de l'ARNm contenu dans l'échantillon biologique. L'ADNc obtenu servira alors de cible pour les amorces ou les sondes mises en œuvre dans le procédé d'amplification ou de détection selon l'invention.

La technique d'hybridation de sondes peut être réalisée de manières diverses (Matthews et al., 1988, Anal. Biochem., 169, 1-25). La méthode la plus générale

30 consiste à immobiliser l'acide nucléique extrait des cellules de différents tissus ou de cellules en culture sur un support (tels que la nitrocellulose, le nylon, le polystyrène) et à incuber, dans des conditions bien définies, l'acide nucléique cible immobilisé avec la

sonde. Après l'hybridation, l'excès de sonde est éliminé et les molécules hybrides formées sont détectées par une méthode appropriée (mesure de la radioactivité, de la fluorescence ou de l'activité enzymatique liée à la sonde).

Selon un autre mode de mise en œuvre des sondes nucléiques selon l'invention, ces dernières peuvent être utilisées comme sondes de capture. Dans ce cas, une sonde, dite « sonde de capture », est immobilisée sur un support et sert à capturer par hybridation spécifique l'acide nucléique cible obtenu à partir de l'échantillon biologique à tester et l'acide nucléique cible est ensuite détecté grâce à une seconde sonde, dite « sonde de détection », marquée par un élément facilement détectable.

Parmi les fragments d'acides nucléiques intéressants, il faut ainsi citer en particulier les oligonucléotides anti-sens, c'est-à-dire dont la structure assure, par hybridation avec la séquence cible, une inhibition de l'expression du produit correspondant. Il faut également citer les oligonucléotides sens qui, par interaction avec des protéines impliquées dans la régulation de l'expression du produit correspondant, induiront soit une inhibition, soit une activation de cette expression.

De façon préférée, les sondes ou amorces selon l'invention sont immobilisées sur un support, de manière covalente ou non covalente. En particulier, le support peut être une puce à ADN ou un filtre à haute densité, également objets de la présente invention.

On entend désigner par puce à ADN ou filtre haute densité, un support sur lequel sont fixées des séquences d'ADN, chacune d'entre elles pouvant être repérée par sa localisation géographique. Ces puces ou filtres diffèrent principalement par leur taille, le matériau du support, et éventuellement le nombre de séquences d'ADN qui y sont fixées.

On peut fixer les sondes ou amorces selon la présente invention sur des supports solides, en particulier les puces à ADN, par différents procédés de fabrication. En particulier, on peut effectuer une synthèse in situ par adressage photochimique ou par jet d'encre. D'autres techniques consistent à effectuer une synthèse ex situ et à fixer les sondes sur le support de la puce à ADN par adressage mécanique, électronique ou par jet d'encre. Ces différents procédés sont connus de l'homme du métier.

Une séquence nucléotidique (sonde ou amorce) selon l'invention permet donc

la détection et/ou l'amplification de séquences nucléiques spécifiques. En particulier, la détection de cesdites séquences est facilitée lorsque la sonde est fixée sur une puce à ADN, ou à un filtre haute densité.

L'utilisation de puces à ADN ou de filtres à haute densité permet en effet de
5 déterminer l'expression de gènes dans un organisme présentant une séquence génomique proche du cyanophage S-2L.

La séquence génomique du cyanophage S-2L, complétée par l'identification de tous les gènes de cet organisme, telle que présentée dans la présente invention, sert de base à la construction de ces puces à ADN ou filtre.

10 La préparation de ces filtres ou puces consiste à synthétiser des oligonucléotides, correspondant aux extrémités 5' et 3' des gènes. Ces oligonucléotides sont choisis en utilisant la séquence génomique et ses annotations divulguées par la présente invention. La température d'appariement des ces oligonucléotides aux places correspondantes sur l'ADN doit être approximativement la même pour chaque oligonucleotide. Ceci permet
15 de préparer des fragments d'ADN correspondants à chaque gène par l'utilisation de condition de PCR appropriées dans un environnement hautement automatisé. Les fragments amplifiés sont ensuite immobilisés sur des filtres ou des supports en verre, silicium ou polymères synthétiques et ces milieux sont utilisés pour l'hybridation.

La disponibilité de tels filtres et/ou puces et de la séquence génomique
20 correspondante annotée permet d'étudier l'expression de grands ensembles, voire de la totalité des gènes dans des virus proches du cyanophage S-2L, en préparant les ADN complémentaires, et en les hybridant à l'ADN ou aux oligonucléotides immobilisés sur les filtres ou les puces. Egalement, les filtres et/ou les puces permettent d'étudier la variabilité des souches en préparant l'ADN de ces virus et en les hybridant à l'ADN ou
25 aux oligonucléotides immobilisés sur les filtres ou les puces.

Les différences entre les séquences génomiques des différentes souches ou espèces peuvent grandement affecter l'intensité de l'hybridation et, par conséquent, perturber l'interprétation des résultats. Il peut donc être nécessaire d'avoir la séquence précise des gènes de la souche que l'on souhaite étudier.

30 L'utilisation des filtres à haute densité et/ou des puces permet d'obtenir des connaissances nouvelles sur la régulation des gènes dans les organismes d'importance industrielle, et en particulier les bactéries recombinantes incorporant des gènes du

cyanophage S-2L propagées dans diverses conditions. Elle permet aussi une identification rapide des différences entre les génomes des souches utilisées dans de multiples applications industrielles.

Par ailleurs, les puces à ADN ou les filtres selon l'invention, contenant des
5 sondes ou amorces spécifiques du cyanophage S-2L, sont des éléments très avantageux de kits ou nécessaires pour la détection et/ou la quantification de l'expression de gènes du cyanophage S-2L dans des bactéries recombinantes intégrant ces gènes.

En effet, le contrôle de l'expression des gènes est un point critique pour les voies
10 métaboliques du cyanophage S-2L, soit en permettant l'expression d'un ou plusieurs gènes nouveaux, soit en modifiant l'expression de gènes déjà présents dans la cellule. La présente invention fournit l'ensemble des séquences naturellement actives chez le cyanophage S-2L permettant l'expression des gènes. Elle permet ainsi la détermination de l'ensemble des séquences exprimées chez le cyanophage S-2L. Elle fournit
15 également un outil permettant de repérer les gènes dont l'expression suit un schéma donné. Pour réaliser cela, l'ADN de tout ou partie des gènes du cyanophage S-2L peut être amplifié grâce à des amorces selon l'invention, puis fixé à un support comme par exemple le verre ou le nylon ou une puce à ADN, afin de construire un outil permettant de suivre le profil d'expression de ces gènes. Cet outil, constitué de ce support
20 contenant les séquences codantes sert de matrice d'hybridation à un mélange de molécules marquées reflétant les ARN messagers exprimés dans la cellule (en particulier les sondes marquées selon l'invention). En répétant cette expérience à différents instants et en combinant l'ensemble de ces données par un traitement approprié, on obtient alors les profils d'expression de l'ensemble de ces gènes. La
25 connaissance des séquences qui suivent un schéma de régulation donnée peut aussi être mise à profit pour rechercher de manière dirigée, par exemple par homologie, d'autres séquences suivant globalement, mais de manière légèrement différente le même schéma de régulation. En complément, il est possible d'isoler chaque séquence de contrôle présente en amont des segments servant de sondes et d'en suivre l'activité à
30 l'aide de moyen approprié comme un gène rapporteur (luciférase, β -galactosidase, GFP). Ces séquences isolées peuvent ensuite être modifiées et assemblées par ingénierie métabolique avec des séquences d'intérêt en vue de leur expression optimale.

La présente invention donne la liste de gènes codant ou susceptibles de coder pour des protéines régulant la transcription des gènes du cyanophage S-2L. Modifier la structure ou l'intégrité de ces gènes pourra permettre de modifier l'expression des gènes cibles contrôlés par des promoteurs cibles de ces régulateurs. Les indications données
 5 permettent de plus à l'homme du métier de choisir le ou les régulateurs pertinents pour l'application recherchée ainsi que leur cible, ce qui permet l'optimisation de l'expression de gènes d'intérêt. L'utilisation des outils précédemment décrits tels les puces à ADN, permet aussi de repérer l'ensemble des gènes dont la régulation est modifiée par cette inactivation. Il est ainsi possible de sélectionner un ensemble de
 10 séquence de contrôle répondant, à des nuances près, à un même type de régulation. Ces séquences peuvent être alors utilisées pour contrôler l'expression de gènes d'intérêt.

Selon un autre aspect, l'invention concerne les polypeptides comprenant :

- a) un polypeptide codé par une séquence nucléotidique selon l'invention telle que définie précédemment, en particulier un polypeptide codé par une ORF ;
- 15 b) un polypeptide présentant au moins 80 % de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'identité avec un polypeptide de a) ;
- c) un fragment biologiquement actif d'au moins 5, 7, 10 acides aminés d'un polypeptide selon a) ou b) ;
- d) un polypeptide modifié d'un polypeptide selon l'invention, ou tel que
 20 défini en a), b), ou c).

L'invention concerne de préférence :

- a) les polypeptides du cyanophage S-2L de séquences SEQ ID N°2 à SEQ ID N°527, codés respectivement par les ORF 2 à 527,
- b) les 54 polypeptides mentionnés sur le tableau 1 (SEQ ID
 25 N°14,18,26,68,86,92,105,109,134,142,143,148,152,169,175,187, 208,211,234,246,250,257,264,286,298,316,332,342,347,348, 351,355,364,365,369,370,392,395,406,418,422,425,429,432,433,454,464, 466,472,484,489,494,500.
- c) les 14 polypeptides du cyanophage S-2L, indiqués sur le tableau 1 comme
 30 présentant une homologie très significative, de séquence SEQ ID N° 86,92,152,175,234,257,298,316,395,406,425,484 .

L'invention concerne également :

- d) les polypeptides présentant au moins 80 % de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'identité avec un polypeptide de a), b), c)
- e) les fragments biologiquement actifs des polypeptides de a), b), c), d)
- f) les polypeptides modifiés de a), b), c), d), e).

5

L'invention concerne bien entendu tout spécialement les polypeptides impliqués dans la biosynthèse des bases D et des intermédiaires métaboliques de cette biosynthèse, en particulier le peptide de séquence SEQ ID N°175 à activité succidinylate synthétase.

- 10 Les phages pour lesquels les modifications sont pré-répliquatives, ce qui est vraisemblablement le cas du cyanophage S-2L, possèdent les séquences codantes de protéines nécessaires à la biosynthèse des bases modifiées, dans le cas présent des bases D. De plus, dans la mesure où les bases D font partie du génome du cyanophage, les enzymes polymérases notamment ADN polymérases doivent être
- 15 capables d'avoir la base D spécifiquement comme substrat au lieu de la base A. L'ADN polymérase du cyanophage S-2L est ainsi capable de discriminer le dDTP du dATP. De même, la transcription dépend d'une ARN polymérase spécifique et/ou d'un facteur sigma spécifique. L'invention concerne donc selon une réalisation préférée les polypeptides spécifiques à activité ADN polymérase, ARN polymérase
- 20 et facteurs associés, en particulier les peptides de séquence SEQ ID N° 92 et SEQ ID N°234 qui ont des activités spécifiques de la transcription d'ADN comprenant des bases D.

Dans la présente description, les termes polypeptides, séquences polypeptidiques, peptides et protéines sont interchangeables.

- 25 Il doit être compris que l'invention ne concerne pas les polypeptides sous forme naturelle, c'est-à-dire qu'ils ne sont pas pris dans leur environnement naturel mais qu'ils ont pu être isolés ou obtenus par purification à partir de sources naturelles, ou bien obtenus par recombinaison génétique, ou par synthèse chimique, et qu'ils peuvent alors comporter des acides aminés non naturels comme cela sera
- 30 décrit plus loin.

Par polypeptide présentant un certain pourcentage d'identité avec un autre, que l'on désignera également par polypeptide homologue, on entend désigner les

21

polypeptides présentant par rapport aux polypeptides naturels, certaines modifications, en particulier une délétion, addition ou substitution d'au moins un acide aminé, une troncation, un allongement, une solution chimérique et/ou une mutation, ou les polypeptides présentant des modifications post-traductionnelles.

- 5 Parmi les polypeptides homologues, on préfère ceux dont la séquence d'acides aminés présentent au moins 80 %, de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'homologie avec les séquences d'acides aminés des polypeptides selon l'invention. Dans le cas d'une substitution, un ou plusieurs acide(s) aminé(s) consécutif(s) ou non consécutif(s) sont remplacés par des acides aminés « équivalents ». L'expression
- 10 « acides aminés équivalents » vise ici à désigner tout acide aminé susceptible d'être substitué à l'un des acides aminés de la structure de base sans cependant modifier essentiellement les activités biologiques des peptides correspondant et telles qu'elles seront définies par la suite.

- Ces acides aminés équivalents peuvent être déterminés soit en s'appuyant sur
- 15 leur homologie de structure avec les acides aminés auxquels ils se substituent, soit sur des résultats d'essais comparatifs d'activité biologique entre les différents polypeptides susceptibles d'être effectués.

- A titre d'exemple, on mentionne les possibilités de substitution susceptibles d'être effectuées sans qu'il résulte en une modification approfondie de l'activité
- 20 biologique du polypeptide modifié correspondant. On peut remplacer ainsi la leucine par la valine ou l'isoleucine, l'acide aspartique par l'acide glutamine, la glutamine par l'asparagine, l'arginine par la lysine, etc... les substitutions inverses étant naturellement envisageables dans les mêmes conditions.

- Les polypeptides homologues correspondent également aux polypeptides codés
- 25 par les séquences nucléotidiques homologues ou identiques, telles que définies précédemment et comprennent ainsi dans la présente définition des polypeptides mutés ou correspondant à des variations inter ou intra espèces, pouvant exister chez le cyanophage S-2L, et qui correspondent notamment à des troncatures, substitutions, délétions et/ou additions, d'au moins un résidu d'acides aminés.

- 30 Il est entendu que l'on calcule le pourcentage d'identité entre deux polypeptides de la même façon qu'entre deux séquences d'acides nucléiques. Ainsi, le pourcentage d'identité entre deux polypeptides est calculé après alignement

optimal de ces deux séquences, sur une fenêtre d'homologie maximale. Pour définir ladite fenêtre d'homologie maximale, on peut utiliser les mêmes algorithmes que pour les séquences d'acide nucléique.

Par fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'invention, on entend désigner en particulier un fragment de polypeptide comportant au minimum 5 acides aminés, de préférence au moins 7, 10, 15, 25, 50, 75, 100, 150, 200, 250, 300 acides aminés, présentant au moins une des caractéristiques biologiques des polypeptides selon l'invention, notamment en ce qu'il est capable d'exercer de manière générale une activité même partielle, telle que par exemple :

- 10 - une activité enzymatique (métabolique) ou une activité pouvant être impliquée dans la biosynthèse ou la biodégradation de composés organiques ou inorganiques ;
- une activité structurelle (enveloppe cellulaire...) ;
- une activité dans le processus de réplication, amplification, préparation, transcription, traduction ou maturation, notamment de l'ADN, de l'ARN
- 15 ou des protéines
- et tout particulièrement une activité impliquée dans la biosynthèse de bases D.

Les fragments de polypeptides peuvent correspondre à des fragments isolés ou purifiés naturellement présents dans les souches du cyanophage S-2L, ou à des fragments qui peuvent être obtenus par clivage dudit polypeptide par une enzyme protéolitique telle que la trypsine ou la chymotrypsine ou la collagénase, par un réactif chimique (bromure de cyanogène, CNBr) ou en plaçant ledit polypeptide dans un environnement très acide (par exemple à pH = 2,5). Des fragments polypeptidiques peuvent également être préparés par synthèse chimique, à partir d'hôtes transformés par un vecteur d'expression selon l'invention qui contiennent un acide nucléique permettant l'expression dudit fragment, et placé sous le contrôle des éléments de régulation et/ou d'expression appropriés.

Par « polypeptide modifié » d'un polypeptide selon l'invention, on entend désigner un polypeptide obtenu par recombinaison génétique ou par synthèse chimique comme décrit plus loin, qui présente au moins une modification par rapport à la séquence normale. Ces modifications peuvent être notamment portées sur des

23

acides aminés nécessaires pour la spécificité ou l'efficacité de l'activité, ou à l'origine de la conformation structurale, de la charge, ou de l'hydrophobicité du polypeptide selon l'invention. On peut ainsi créer des polypeptides d'activité équivalente, augmentée ou diminuée, ou de spécificité équivalente, plus étroite ou
5 plus large. Parmi les polypeptides modifiés, il faut citer les polypeptides dans lesquels jusqu'à cinq acides aminés peuvent être modifiés, tronqués à l'extrémité N ou C-terminale, ou bien délétés, ou ajoutés.

Comme cela est indiqué, les modifications d'un polypeptide ont pour objectif notamment :

- 10 - de permettre sa mise en œuvre dans des procédés de biosynthèse ou de biodégradation de composés organiques ou inorganiques,
- de permettre sa mise en œuvre dans des procédés de réplication, d'amplification, de réparation et règle de transcription, de traduction, ou de maturation notamment de l'ADN, l'ARN, ou de protéines,
- 15 - de permettre sa sécrétion améliorée,
- de modifier sa solubilité, l'efficacité ou la spécificité de son activité, ou encore de faciliter sa purification.

La synthèse chimique présente également l'avantage de pouvoir utiliser des acides aminés non naturels ou des liaisons non peptidiques. Ainsi, il peut être
20 intéressant d'utiliser des acides aminés non naturels, par exemple sous forme D, ou des analogues d'acides aminés, notamment des formes souffrées.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le métabolisme
25 des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le processus de réplication, et en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides de séquence SEQ ID
30 N°14,18,142,355,429,454 et un de leurs fragments.

L'invention concerne de manière très avantageuse des polypeptides de cyanophage S2L d'au moins 7 acides aminés et ayant une activité adénylosuccinate

synthetase. De manière préférée, de tels fragments comprennent le motif GSTGKG. En plus des résultats biologiques (métabolisme spécifique du cyanophage S2L capable de synthétiser et de polymériser de l'ADN incorporant des bases D), les inventeurs ont en effet identifié, des sites consensus en particulier les zones site de
5 liaison de phosphate et d'IMP. On retrouve en particulier le fragment QYGSTGKG, proche de la signature Prosite QWGDEGKG attribuée à l'adenylosuccinate synthétase, ou le fragment GSTGKG proche du fragment GDEGKG commun à *Escherichia coli*, *Methanobacterium thermoautotrophicum*, *Pyrococcus horikoshii* OT3. Les inventeurs ont identifié des homologues significatives pour les activités
10 adenylosuccinate synthétase, hélicase, facteur sigma, ces trois activités étant a priori directement liées étroitement avec le métabolisme spécifique des bases D.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de de cyanophage S-2L ou un de ses fragments impliqué dans le processus de transcription,
15 et en ce qu'il est choisi parmi les polypeptides de séquence SEQ ID N°92,143,187 et un de leurs fragments représentatifs.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide d'enveloppe de cyanophage S-2L ou un de ses fragments, et en ce qu'il est choisi
20 parmi les polypeptides correspondant aux ORF169,316,351,392,395,406,422,425 et un de leurs fragments représentatifs.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le
25 détournement de la machinerie cellulaire ou dans le métabolisme intermédiaire.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de de cyanophage S-2L ou un de ses fragments représentatifs impliqué dans le processus de virulence, notamment le polypeptide de séquence SEQ ID N°247 et un de ses
30 fragments représentatifs.

Sous un autre aspect, de manière préférée, l'invention a pour objet un polypeptide selon l'invention, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de

cyanophage S-2L ou un de ses fragments impliqué dans les fonctions relatives aux transposons, notamment le polypeptide de séquence SEQ ID N°208 et un de ses fragments représentatifs.

5 Il faut noter toutefois qu'un organisme vivant est un tout et doit être pris comme tel. Ainsi, afin de pouvoir se développer et d'exhiber ses propriétés, tout organisme a besoin d'interactions entre les différentes voies métaboliques. Ainsi, la classification énoncée ci-dessus ne doit pas être considérée comme limitative, un gène pouvant être impliqué dans plusieurs voies métaboliques distinctes.

10 La présente invention a également pour objet les séquences nucléotidiques et/ou de polypeptides selon l'invention, caractérisées en ce que lesdites séquences sont enregistrées sur un support d'enregistrement dont la forme et la nature facilitent la lecture, l'analyse et/ou l'exploitation de ladite ou desdites séquence(s). Ces supports peuvent également contenir d'autres informations extraites de la présente
15 invention, notamment les analogies avec des séquences déjà connues, comme mentionné dans le Tableau 1 et/ou des informations concernant les séquences nucléotidiques et/ou de polypeptides d'autres microorganismes afin de faciliter l'analyse comparative et l'exploitation des résultats obtenus.

Parmi cesdits supports d'enregistrement, on préfère en particulier les supports
20 lisibles par un ordinateur, tels les supports magnétiques, optiques, électriques ou hybrides, en particulier les disquettes informatiques, les CD-ROM, les serveurs informatiques. De tels supports d'enregistrement sont également objet de l'invention.

Les supports d'enregistrement selon l'invention, avec les informations apportées, sont très utiles pour le choix d'amorces ou de sondes nucléotidiques pour
25 la détermination de gènes dans le cyanophage S-2L ou souches proches de cet organisme. De même, l'utilisation de ces supports pour l'étude du polymorphisme génétique de souche proche de du cyanophage S-2L, en particulier par la détermination des régions de colinéarité, est très utile dans la mesure où ces supports fournissent non seulement la séquence nucléotidique du génome du cyanophage S-
30 2L, mais également l'organisation génomique dans ladite séquence. Ainsi, les utilisations de supports d'enregistrement selon l'invention sont également des objets de l'invention.

26

Un procédé d'étude du polymorphisme génétique entre les souches proches du cyanophage S-2L, par détermination des régions de colinéarité, peut comprendre les étapes de

- 5 - fragmentation de l'ADN chromosomal de ladite autre souche (sonication, digestion),
- séquence des fragments d'ADN,
- analyse d'homologie avec le génome du cyanophage S-2L (SEQ ID N° 1).

Ce procédé qui comprend une étape d'analyse d'homologie avec le génome du cyanophage S-2L, en particulier grâce à l'aide d'un support d'enregistrement, est
10 également l'objet de l'invention.

L'analyse d'homologie entre différentes séquences s'effectue en effet avantageusement à l'aide de logiciels de comparaisons de séquences, tels le logiciel Blast, ou les logiciels de la trousse GCG, décrits précédemment.

L'invention vise également une séquence nucléotidique telle que décrite
15 précédemment, immobilisée sur un support, de manière covalente ou non-covalente, notamment un filtre à haute densité ou une puce à ADN.

L'invention vise également une séquence nucléotidique telle que décrite précédemment pour la détection et/ou l'amplification de séquences nucléiques.

Selon une réalisation un tel procédé de détection et d'amplification comprend
20 par exemple les étapes suivantes :

- a) éventuellement, isolement de l'ADN à partir de l'échantillon biologique à analyser, ou obtention d'un ADNc à partir de l'ARN de l'échantillon biologique ;
- b) amplification spécifique de l'ADN du cyanophages S-2L à l'aide d'au
25 moins une amorce selon l'invention ;
- c) mise en évidence des produits d'amplification.

Ce procédé est basé sur l'amplification spécifique de l'ADN, en particulier par une réaction d'amplification en chaîne.

On préfère également un procédé comprenant les étapes suivantes :

- 30 a) mise en contact d'une sonde nucléotidique selon l'invention avec un échantillon biologique, l'acide nucléique contenu dans l'échantillon biologique ayant, le cas échéant, préalablement été rendu accessible à

l'hybridation, dans des conditions permettant l'hybridation de la sonde à l'acide nucléique du cyanophage S-2L ;

- b) mise en évidence de l'hybride éventuellement formé entre la sonde nucléotidique et l'ADN de l'échantillon biologique.

5 Un tel procédé ne doit pas être limité à la détection de la présence de l'ADN contenu dans l'échantillon biologique attesté, il peut être également mis en œuvre pour détecter l'ARN contenu dans ledit échantillon. Ce procédé englobe en particulier les Southern et Northern blot.

Ainsi, la présente invention englobe également un kit ou nécessaire pour la
10 détection et/ou l'identification de cyanophage S-2L, caractérisé en ce qu'il comprend les éléments suivants :

- a) une sonde nucléotidique selon l'invention ;
- b) éventuellement, les réactifs nécessaires à la mise en œuvre d'une réaction d'hybridation ;
- 15 c) éventuellement, au moins une amorce selon l'invention ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

De même, la présente invention englobe également les kits ou nécessaires pour la détection et/ou l'identification de cyanophage S-2L, comprenant les éléments suivants :

- 20 a) une sonde nucléotidique, dite sonde de capture, selon l'invention;
- b) une sonde oligonucléotidique, dite sonde de révélation, selon l'invention ;
- c) éventuellement, au moins une amorce selon l'invention ainsi que les réactifs nécessaires à une réaction d'amplification de l'ADN.

25 L'invention vise également les vecteurs de clonage et/ou d'expression, qui contiennent une séquence nucléotidique selon l'invention. On préfère en particulier les séquences nucléotidiques codant pour des polypeptides impliqués dans le métabolisme nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides.

Les vecteurs selon l'invention comportent de préférence des éléments qui
30 permettent l'expression et/ou la sécrétion des séquences nucléotidiques dans une cellule hôte déterminée.

Le vecteur doit alors comporter un promoteur, des signaux d'initiation et de

terminaison de la traduction, ainsi que des régions appropriées de régulation de la transcription. Il doit pouvoir être maintenu de façon stable dans la cellule hôte et peut éventuellement posséder des signaux particuliers qui spécifient la sécrétion de la protéine traduite. Ces différents éléments sont choisis et optimisés par l'homme du
5 métier en fonction de l'hôte cellulaire utilisé. A cet effet, les séquences nucléotidiques selon l'invention peuvent être insérées dans des vecteurs à réplication autonome au sein de l'hôte choisi, ou être des vecteurs intégratifs de l'hôte choisi.

De tels vecteurs sont préparés par des méthodes couramment utilisées par l'homme du métier, et les clones résultant peuvent être introduits dans un hôte
10 approprié par des méthodes standard, telle que la lipofection, l'électroporation, le choc thermique, ou des méthodes chimiques.

Les vecteurs selon l'invention sont par exemple des vecteurs d'origine plasmidique ou virale. Ils sont utiles pour transformer des cellules hôtes afin de cloner ou d'exprimer les séquences nucléotidiques selon l'invention. On peut utiliser
15 comme vecteur directement le cyanophage S-2L lui-même.

L'invention comprend également les cellules hôtes transformées par un vecteur selon l'invention.

L'hôte cellulaire peut être choisi parmi des systèmes procaryotes ou eucaryotes, par exemple les cellules bactériennes mais également les cellules de
20 levure ou les cellules animales, en particulier les cellules de mammifères. On peut également utiliser des cellules d'insectes ou des cellules de plantes. Les cellules hôtes préférées selon l'invention sont en particulier les cellules procaryotes. Les cellules transformées selon l'invention sont utilisables dans des procédés de préparation de polypeptides recombinants selon l'invention.

25 Les procédés de préparation d'un polypeptide d'intérêt selon l'invention sous forme recombinante, hors de l'environnement naturel, caractérisés en ce qu'ils mettent en œuvre un vecteur et/ou une cellule transformée par un vecteur selon l'invention sont eux-mêmes compris dans la présente invention. L'utilisation du cyanophage S-2L pour la production de tels peptides fait donc également partie de
30 l'invention.

De préférence, on cultive une cellule transformée par un vecteur selon l'invention dans des conditions qui permettent l'expression dudit polypeptide

d'intérêt et on récupère ledit peptide recombinant. Les cellules hôtes selon l'invention peuvent également être utilisées pour la préparation de compositions alimentaires, qui sont elles-mêmes objet de la présente invention.

Un tel procédé d'obtention de protéines d'intérêt du cyanophage S-2L, comprend selon une réalisation l'insertion de gènes d'intérêt du génome du phage S-2L, typiquement par ligation, dans des vecteurs de clonage et d'expression, dans des conditions permettant leur expression par la prise en charge par la machinerie de répllication d'un organisme hôte comme *E. coli*, et l'extraction des protéines produites.

Les messages héréditaires du phage recopiés sous forme d'ADN canonique sont aptes à s'exprimer comme des gènes de cyanobactéries. Les ARN messagers émis après réécriture de l'ADN de S-2L chez *E. coli* sont traduits en des protéines identiques à celles produites au cours de l'infection de *Synechococcus* par S-2L.

Selon une réalisation préférée les polypeptides d'intérêt sont des protéines impliquées dans le métabolisme de bases D, notamment la succinyladénylate synthétase .

En effet, il a été précisé plus haut qu'une base D est vraisemblablement formée par modification pré-répllicative et que des gènes cellulaires ont été recrutés à cette fin, deux voies de biosynthèse se présentant pour former le dDTP à partir d'un désoxynucléotide canonique, soit dAMP soit dGMP.

Suivant la première voie (figure 2a), le monomère activé dATP est d'emblée hydrolysé en dAMP par une enzyme du type de celle codée par *mutT* chez *E. coli* (9) ou du produit du gène *mutT* (9), ce qui a pour double effet de barrer l'accès de dATP à la synthèse de l'ADN et de fournir le précurseur de DMP. La biosynthèse de celui-ci s'effectue suivant les deux réactions successives convertissant IMP en GMP dans le métabolisme cellulaire (9) ; le nucléotide est finalement activé en dDTP en deux étapes de phosphorylation.

Suivant la deuxième voie (figure 2b), dDMP est obtenu en appliquant à dGMP les deux réactions convertissant dans les cellules IMP en AMP (9). Si elle prend aussi comme précurseur le dATP, cette deuxième voie est plus longue car dGMP doit préalablement être synthétisé via dIMP. Tout au long de cette deuxième voie, trois dNTP spécifiques et mutagènes sont formés (dIMP, dXMP et dSMP), contre un seul

(diGMP) dans la première (figure 2a).

Comme cela sera décrit plus loin les inventeurs ont réussi à identifier un ORF codant pour une enzyme de la seconde voie, la succinyladénylate synthétase.

Selon une autre réalisation préférée, les polypeptides d'intérêt sont des polymérase de cyanophages S-2L, capables de polymériser des bases D, ce qui permet la propagation des acides nucléiques incorporant des bases D *in vitro* et *in vivo*.

Les inventeurs obtiennent en particulier des ADN polymérase spécialistes des duplex de haute stabilité et inaptés à répliquer dA pris comme constituant de la matrice ou comme monomère triphosphate. Ces ADN polymérase seront typiquement obtenues par un procédé comprenant une étape d'expression, hors de l'environnement naturel, du gène de ladite ADN polymérase dans des bactéries recombinantes.

Selon une réalisation préférée les polypeptides d'intérêt sont des polypeptides capables de modifier la transcription de l'ADN de cellules hôtes du cyanophage S-2L

En effet la transcription du génome de S-2L d'une ARN polymérase sur mesure, même si celle-ci n'est pas codée dans le phage. On sait que des enzymes de T4 altèrent l'ARN polymérase d'*E. coli*. Les promoteurs présents dans le génome de S-2L dévient du consensus connu de l'homme du métier (TATA box en particulier). Il est vraisemblable que des facteurs d'amorçage de la transcription (sigma ou autre) soient codés ou modifiés par le phage, voire à ce qu'ils soient embarqués dans la capside pour permettre le déclenchement du programme viral. Quoi qu'il en soit, le séquençage effectué par les inventeurs permet d'identifier sans effort excessif certains gènes de S-2L responsables du contrôle de la transcription par altération chimique de l'ADN.

Ainsi qu'il a été dit, l'hôte cellulaire peut être choisi parmi des systèmes procaryotes ou eucaryotes. En particulier, il est possible d'identifier des séquences nucléotidiques selon l'invention, facilitant la sécrétion dans un tel système procaryote ou eucaryote. Un vecteur selon l'invention portant une telle séquence peut donc être avantageusement utilisé pour la production de protéines recombinantes, destinées à être sécrétées. En effet, la purification de ces protéines recombinantes d'intérêt sera facilité par le fait qu'elles sont présentes dans le surnageant de la

culture cellulaire plutôt qu'à l'intérieur des cellules hôtes.

On peut également préparer les polypeptides selon l'invention par synthèse chimique. Un tel procédé de préparation est également un objet de l'invention. L'homme du métier connaît les procédés de synthèse chimique, par exemple les techniques mettant en œuvre des phases solides (voir notamment Steward et al., 1984, Solid phase peptides synthesis, Pierce Chem. Company, Rockford, 111, 2ème éd., (1984)) ou des techniques utilisant des phases solides partielles, par condensation de fragments ou par une synthèse en solution classique. Les polypeptides obtenus par synthèse chimique et pouvant comporter des acides aminés non naturels correspondant sont également compris dans l'invention.

L'invention comprend également les polypeptides hybrides qui comprennent au moins la séquence d'un polypeptide selon l'invention, et la séquence d'un polypeptide susceptible d'induire une réponse immunitaire chez l'homme ou l'animal. L'invention comprend également les séquences nucléotidiques qui codent pour de tels polypeptides hybrides, ou les vecteurs qui contiennent ces séquences nucléotidiques. Ce couplage entre un polypeptide selon l'invention et un polypeptide immunogène d'intérêt, peut être effectué par voie chimique, ou par voie biologique. Ainsi, selon l'invention, il est possible d'introduire un ou plusieurs élément(s) de liaison, notamment des acides aminés pour faciliter les réactions de couplage entre le polypeptide selon l'invention, et le polypeptide immunostimulateur, le couplage covalent de l'antigène immunostimulateur pouvant être réalisé à l'extrémité N ou C-terminale du polypeptide selon l'invention. Les réactifs bifonctionnels permettant ce couplage sont déterminés en fonction de l'extrémité choisie pour réaliser ce couplage, et les techniques de couplage sont bien connues de l'homme du métier.

Les conjugués issus d'un couplage de peptides peuvent être également préparés par recombinaison génétique. Le peptide hybride (conjugué) peut en effet être produit par des techniques d'ADN recombinant, par insertion ou addition à la séquence d'ADN codant pour le polypeptide selon l'invention, d'une séquence codant pour le ou les peptide(s) antigène(s), immunogène(s) ou haptène(s). Ces techniques de préparation de peptides hybrides par recombinaison génétique sont bien connues de l'homme du métier (voir par exemple Makrides, 1996, Microbiological Reviews 60,512-538).

De préférence, ledit polypeptide immunitaire est choisi dans le groupe des peptides contenant les anatoxines, notamment le toxoïde diphtérique ou le toxoïde tétanique, les protéines dérivées du Streptocoque (comme la protéine de liaison à la séralbumine humaine), les protéines membranaires OMPA et les complexes de
5 protéines de membranes externes, les vésicules de membranes externes ou les protéines de chocs thermiques.

Les séquences nucléotidiques et vecteurs, codant pour un polypeptide hybride selon l'invention sont également objet de l'invention.

Les polypeptides hybrides selon l'invention sont très utiles pour obtenir des
10 anticorps monoclonaux ou polyclonaux, capables de reconnaître spécifiquement les polypeptides selon l'invention. En effet, un polypeptide hybride selon l'invention permet la potentiation de la réponse immunitaire, contre le polypeptide selon l'invention couplé à la molécule immunogène. De tels anticorps monoclonaux ou polyclonaux, leurs fragments, ou les anticorps chimériques, reconnaissant les
15 polypeptides selon l'invention, sont également objets de l'invention.

Les anticorps monoclonaux spécifiques peuvent être obtenus selon la méthode classique de culture d'hybridome décrite par Köhler et Milstein (1975, Nature 256, 495).

Les anticorps selon l'invention sont par exemple des anticorps chimériques, des
20 anticorps humanisés, des fragments Fab, ou $F(ab')^2$. Il peut également se présenter sous forme d'immunoconjugué ou d'anticorps marqué afin d'obtenir un signal détectable et/ou quantifiable.

Les anticorps selon la présente invention sont notamment utilisables afin de détecter une expression d'un gène de cyanophage S-2L. En effet, la présence du
25 produit d'expression d'un gène reconnu par un anticorps spécifique dudit produit expression peut être détectée par la présence d'un complexe antigène-anticorps formé après la mise en contact d'une bactérie recombinante exprimant un gène d'intérêt donné du cyanophage S-2L avec un anticorps selon l'invention. La souche bactérienne utilisée peut avoir été « préparée », c'est-à-dire centrifugée, lysée, placée
30 dans un réactif approprié pour la constitution du milieu propice à la réaction immunologique. En particulier, on préfère un procédé de détection de l'expression d'un gène, correspondant à un Western blot, pouvant être effectué après une

électrophorèse sur gel de polyacrylamide d'un lysat de la souche bactérienne, en présence ou en l'absence de conditions réductrices (SDS-PAGE). Après migration et séparation des protéines sur le gel de polyacrylamide, on transfère lesdites protéines sur une membrane appropriée (par exemple en nylon) et on détecte la présence de la

5 protéine ou du polypeptide d'intérêt, par mise en contact de ladite membrane avec un anticorps selon l'invention.

Les polypeptides et les anticorps selon l'invention peuvent avantageusement être immobilisés sur un support, notamment une puce à protéines. Une telle puce à protéines est un objet de l'invention, et peut également contenir au moins un

10 polypeptide d'un microorganisme autre que le cyanophage S-2L ou un anticorps dirigé contre un composé d'un microorganisme autre que cyanophage S-2L.

Les puces à protéines ou filtres à haute densité contenant des protéines selon l'invention peuvent être construits de la même manière que les puces à ADN selon l'invention. En pratique, on peut effectuer la synthèse des polypeptides fixés

15 directement sur la puce à protéines, ou effectuer une synthèse ex situ suivie d'une étape de fixation du polypeptide synthétisé sur ladite puce. Cette dernière méthode est préférable, lorsque l'on désire fixer des protéines de taille importante sur le support, qui sont avantageusement préparées par génie génétique. Toutefois, si l'on ne désire fixer que des peptides sur le support de ladite puce, il peut être plus

20 intéressant de procéder à la synthèse desdits peptides directement in situ.

De préférence, on fixe un anticorps selon l'invention sur le support de la puce à protéines, et on détecte la présence de l'antigène correspondant, spécifique de Cyanophage S-2L ou d'un microorganisme associé.

Une puce à protéines ci-dessus décrite peut être utilisée pour la détection de

25 produits de gènes, pour établir un profil d'expression desdits gènes, en complément d'une puce à ADN selon l'invention.

Les puces à protéines selon l'invention sont également extrêmement utiles pour les expériences de protéomique, qui étudie les interactions entre les différentes protéines d'un microorganisme donné. De façon simplifiée, on fixe des peptides

30 représentatifs des différentes protéines d'un organisme sur un support. Puis, on met ledit support en contact avec des protéines marquées, et après une étape optionnelle de rinçage, on détecte des interactions entre lesdites protéines marquées et les

peptides fixés sur la puce à protéines.

Ainsi, les puces à protéines comprenant une séquence polypeptidique selon l'invention ou un anticorps selon l'invention sont objet de l'invention, ainsi que les kits ou nécessaires les contenant.

5 De préférence, les amorces et/ou sondes et/ou polypeptides et/ou anticorps selon la présente invention utilisés dans les procédés selon la présente invention sont choisis parmi les amorces et/ou sondes et/ou polypeptides et/ou anticorps spécifiques du Cyanophage S-2L

10 La présente invention a également pour objet les souches de Cyanophage S-2L et/ou de microorganismes associés contenant une ou plusieurs mutation(s) dans une séquence nucléotidique selon l'invention, en particulier une séquence ORF, ou leurs éléments régulateurs (en particulier promoteurs).

On préfère, selon la présente invention, les souches de Cyanophage S-2L présentant une ou plusieurs mutation(s) dans les séquences nucléotidiques codant
15 pour des polypeptides impliqués dans le métabolisme des bases D, la réplication et la transcription.

Lesdites mutations peuvent mener à une inactivation du gène, ou en particulier lorsqu'elles sont situées dans les éléments régulateurs dudit gène, à une surexpression de celui-ci.

20 Ainsi, on recherche en particulier des souches de Cyanophage S-2L sur-exprimant un polypeptide selon l'invention, impliquées dans les fonctions relatives à la synthèse de bases D ou de polynucléotides incorporant au moins une base D.

L'art antérieur fait état de la connaissance du métabolisme spécifique du de cyanophage S-2L, conduisant à la synthèse de bases D au lieu de bases A. Toutefois,
25 jusqu'à présent, sans connaître la séquence exacte du cyanophage S-2L, l'homme du métier n'avait pas à sa disposition les séquences ORF codantes et donc ne pouvait effectivement notamment cloner une séquence ORF donnée, tester l'activité biologique correspondante et exprimer des polypeptides d'intérêt. Ce type de procédé est désormais possible grâce au séquençage du génome du cyanophage S-2L effectué
30 par les inventeurs.

Même sans connaître exactement à ce stade avec certitude la voie de synthèse des bases D, les inventeurs ont réussi à identifier des séquences codantes impliquées

dans cette voie métabolique. En testant successivement, mais sans effort excessif pour l'homme du métier, la fonction biologique des ORF susceptibles d'intervenir dans cette voie métabolique à partir des résultats obtenus (plus spécialement les ORF du groupe des polypeptides intervenant dans le métabolisme nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides), les inventeurs peuvent donc repérer celles qui
5 codent pour les protéines déterminant cette voie.

L'invention concerne également selon un autre aspect l'utilisation des séquences polypeptidiques telles que décrites précédemment pour la production de bases D et ou de séquences polynucléotidiques comprenant des bases D. Ces
10 séquences polynucléotidiques seront notamment des séquences ADN, ou ARN, en particulier des ARNm.

L'invention concerne selon un autre aspect un procédé d'obtention de bases D et/ou de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D, ledit procédé comportant la culture d'un microorganisme contenant au moins une séquence
15 nucléotidique de cyanophage S-2L codante pour au moins un polypeptide impliqué dans la synthèse de bases D, dans des conditions appropriées pour le développement du vecteur et la synthèse de bases D. Typiquement le microorganisme cultivé comprend un vecteur tel que décrit précédemment contenant la ou lesdites séquences nucléotidiques de cyanophage S-2L codantes.

20 Selon une réalisation un tel procédé comprend :

- l'addition à un milieu comprenant les substrats nécessaires à l'obtention de bases D, d'un extrait ou mélange d'extraits de bactéries recombinantes exprimant au moins un gène de cyanophage S-2L impliqué dans la synthèse de bases D
- 25 - le cas échéant l'extraction de bases D et/ou de dits polynucléotides d'intérêt.

Selon une réalisation un tel procédé comprend :

- la préparation d'au moins une séquence ADN codante pour un polypeptide capable de provoquer chez un microorganisme hôte la
30 synthèse d'au moins une base D
- le clonage de ladite séquence codante dans un vecteur capable d'être transféré dans et de se répliquer dans ledit microorganisme hôte, ce

vecteur comprenant les éléments nécessaires à l'expression de ladite séquence codante

- le transfert du vecteur comprenant ladite séquence codante dans un microorganisme capable de produire les enzymes de la synthèse de bases D dirigée par ladite séquence codante
- la culture du microorganisme dans des conditions appropriées pour le développement du vecteur et la synthèse des bases D
- le cas échéant l'extraction de bases D et/ou de dits polynucléotides d'intérêt.

Comme cela sera décrit plus loin, les inventeurs ont réussi à cloner de l'ADN contenant des bases D, en utilisant des enzymes de restriction dont les sites de restriction ne possèdent pas de base A, notamment SmaI (site CCCGGG), SacII (site CCGCGG), MspI (site CCGG), BspRI (site GGCC). Les inventeurs ont montré que des enzymes de restriction comprenant au moins une base A n'hydrolysent pas l'ADN de S-2L : BamHI (GCATCC), EcoRI (GAATTC), HindIII (AAGCTT), Sau3AI (GATC). Pour cela les inventeurs sont allés à l'encontre d'un préjugé technique, à savoir que le clonage d'un ADN comprenant des bases D pourrait conduire à des ambiguïtés de copie lors du clonage. En effet, comme indiqué sur la figure 4, le clonage de « D DNA » chez *E.Coli*, est susceptible de conduire à des séquences différentes de celles issues du clonage de « A DNA ».

L'invention concerne selon un autre aspect un procédé d'obtention de bases D et/ou de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D ledit procédé comportant :

- l'addition, à un milieu comprenant les substrats nécessaires à l'obtention de bases D, du produit d'expression d'au moins un gène de cyanophage S-2L impliqué dans la synthèse de bases D, de manière à produire des bases D et/ou des polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D
- le cas échéant l'extraction des bases D et/ou de dits polynucléotides d'intérêt.

Dans les procédés mentionnés ci-dessus, par synthèse de bases D et/ou de polynucléotides comprenant au moins une base D, on entend que les conditions de la synthèse sont telles que l'on obtienne uniquement ou essentiellement des bases D, ou

uniquement ou essentiellement des polynucléotides comprenant au moins une base D, ou à la fois des bases D et des polynucléotides comprenant au moins une base D dans des quantités souhaitées. Les quantités produites de bases D et de polynucléotides comprenant au moins une base D dépendront notamment du contrôle
5 de l'expression de protéines impliquées dans la synthèses des bases D et dans l'incorporation des bases D lors de l'élongation des chaînes polynucléotidiques.

Selon un autre aspect l'invention concerne un procédé d'obtention de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D, ledit procédé comprenant la culture d'un microorganisme contenant au moins une séquence
10 nucléotidique de cyanophage S-2L codante pour au moins un polypeptide impliqué dans l'élongation desdits polynucléotides avec incorporation de bases D, ADN polymérase notamment, dans des conditions appropriées pour le développement du vecteur et l'élongation desdits polynucléotides.

Selon un autre aspect l'invention concerne l'utilisation du cyanophage S-2L
15 pour la production de réactifs utiles pour des réactions PCR ou PCR Like faisant intervenir des bases D. En particulier selon un mode de réalisation préféré ces réactifs seront des monomères dDTP.

En effet, le monomère dDTP est un bon substrat des ADN polymérases du cyanophage S-2L, et des matrices comportant la base D sont efficacement répliquées
20 (1). La production biotechnologique de dD, dDMP et dDTP s'applique ainsi aux techniques de PCR, en augmentant la stabilité thermique des duplex, ou en masquant et en démasquant de nombreux sites de restriction (10). On entend que cette production n'est pas une production dans l'environnement naturel, la production dans l'environnement naturel signifiant une production par le cyanophage S-2L lui-même.
25

L'invention concerne également un procédé de production de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D, ledit procédé comportant une étape d'amplification, en présence de polymérase de cyanophage D et d'amorces appropriées, de polynucléotides comprenant au moins une base D.

30 Grâce à ce procédé, selon une technique de type PCR ou PCR like, à partir d'un polynucléotide d'intérêt comprenant au moins une base D de séquence connue, on obtient un grand nombre d'exemplaires de ce nucléotide.

Selon une réalisation le gène impliqué dans la synthèse de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D est le gène de la succinyladénylate synthétase. En effet, la succinyladénylate synthétase (ddba) catalyse la réaction de dGMP au dSMP lui-même transformé en dDMP (figure 2).

5 Selon une réalisation les polynucléotides d'intérêt sont des nucléosides d'intérêt thérapeutique.

Selon une réalisation, les polynucléotides d'intérêt sont produits par hémisynthèse ou par fermentation.

10 L'invention concerne en outre un procédé de sélection de composés capables de stimuler ou d'inhiber la synthèse de bases D et/ou de polynucléotides d'intérêt incorporant au moins une base D, comprenant l'addition au milieu de synthèse du composé testé et la comparaison de la synthèse en présence et en absence dudit composé.

15 L'invention concerne selon un autre aspect l'utilisation des séquences nucléotidiques de cyanophage S-2L telles que décrites précédemment pour tester leur fonction dans le métabolisme des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides, la réplication et la transcription.

Selon un autre aspect l'invention concerne l'utilisation du cyanophage S-2L pour la détermination de gènes permettant de réparer les mésappariements G:T ou
20 iG:T survenant par désamination.

En effet, la base D elle-même est connue comme un mutagène chez *E. coli*. Ce fait pourrait s'expliquer par le fait que la désamination de D à la position 2 mène à l'isoguanine (iG), dont il a été récemment montré que le désoxynucléoside est mutagène (M. Bouzon, P. Marlière, résultats non publiés). La désamination de D à la
25 position 6 mène à la guanine. Que cette dernière réaction de désamination survienne après incorporation de D dans l'ADN, elle résultera en une mutation au cycle de réplication suivant. Grâce au séquençage réalisé, l'identification de gènes aptes à réparer les mésappariements G:T ou iG:T survenant par désamination est désormais possible.

30 Selon un autre aspect l'invention concerne l'utilisation du cyanophage S-2L pour l'identification de gènes et la production de protéines capables de régénérer des 5'-termini.

En effet, la réplication de l'ADN du cyanophage, dont la stabilité est élevée (7,8), pourrait par ailleurs exiger des protéines auxiliaires (hélicase, SSB) sur mesure. Le génome est constitué d'un duplex linéaire, ce qui suppose une machinerie de régénération des 5'-termini, comme l'endonucléase utilisée pour résoudre les
5 concatémères chez T7 (4), ou la protéine d'adduction en 5' chez phi29 (6), dont l'activité pourrait nécessiter la présence de D dans leurs substrats.

Selon un autre aspect l'invention concerne l'utilisation du cyanophage S-2L pour l'identification de gènes capables de moduler l'activité des ribosomes

En effet, le cyanophage S-2L est par ailleurs susceptible de former un
10 précurseur ribonuclotidique portant la base D, pour le réduire ensuite en un désoxyribonucléotide correspondant, comme il advient pour les quatre bases de l'ARN (9). Dans ce cas, la transcription et la traduction des gènes phagiques pourraient s'effectuer via l'utilisation de codons, voire de tARNs comme chez T4 et T5, comportant cette base. Si une telle option a été empruntée par le phage, il est
15 possible que certains de ses gènes modulent l'activité des ribosomes.

Selon un autre aspect l'invention concerne l'utilisation du cyanophage S-2L pour l'identification ou la production de composés inhibiteurs de la biosynthèse des nucléotides puriques.

En effet les génomes phagiques spécifient toute une gamme d'inhibiteurs ayant
20 pour cible des enzymes cellulaires telles que la thymidylate synthase, la dUTPase, etc. (11). Dans le cas de S-2L, les inventeurs peuvent désormais identifier des inhibiteurs capables d'affecter la biosynthèse des nucléotides puriques.

L'invention concerne ainsi également un procédé utilisant de tels inhibiteurs pour contrôler le métabolisme ou l'expression génétique de cellules susceptibles
25 d'être infectées par un cyanophage S2L, notamment des cyanobactéries.

Dans la mesure où le contrôle du métabolisme des acides nucléiques ou nucléosides, en particulier des pyrimidines de l'ADN, est très utile en chimiothérapie et gérothérapie (2), l'invention concerne aussi un procédé utilisant de tels inhibiteurs pour contrôler ce métabolisme.

30

D'autres aspects et avantages de l'invention apparaîtront à la lecture de la description qui suit illustrée par les figures dans lesquelles :

- la figure 1 représente quelques exemples de bases modifiées
- les figures 2a et 2b représentent deux voies de biosynthèses possibles pour la synthèse de bases D par le cyanophage S-2L, la voie de la figure 2b étant la plus vraisemblable
- 5 - la figure 3 illustre schématiquement le génome du cyanophage S-2L
- la figure 4 représente schématiquement la difficulté potentielle du clonage de gènes incorporant des bases D chez *E. Coli*.

10 Des cyanophages S2L sont cultivés en masse à partir de l'espèce *Synechococcus elongatus* (8). L'ADN extrait est fragmenté par sonication pour constituer une banque shotgun clonée dans un vecteur chez *E. coli*. Les clones sont séquencés intensivement sur un séquenceur jusqu'à couverture complète du génome.

 A mesure que des ORF sont élucidés comme homologues à des gènes connus,
15 il est procédé à leur expression chez *E. coli* ou chez *Synechococcus*, selon les fonctions supposées, notamment dans le but de valider les hypothèses fonctionnelles ou d'explorer les potentialités synthétiques.

 A cette fin, les intermédiaires supposés des voies de synthèse (figure 2) ont été synthétisés suivant les méthodes courantes de la chimie des nucléosides et
20 nucléotides. Ils sont systématiquement soumis à des extraits ou des mélanges d'extraits de souches recombinantes exprimant chacune un gène de S-2L, pour identifier les activités enzymatiques spécifiées par le phage.

 Plus précisément, l'ADN du phage S-2L a été préparé à partir de lysat de culture de *Synechococcus elongatus* en adaptant les techniques utilisées pour préparer
25 l'ADN du phage λ . Cet ADN a été digéré par différentes enzymes de restriction dont *SmaI*, ce qui a permis de vérifier que le profil de restriction obtenu était identique à celui décrit. Puis, on a montré que l'ADN de S-2L peut être répliqué chez *E. coli* et séquencé selon les protocoles standard, ce qui a conduit à construire une banque totale. Cette banque a été construite par insertion de fragments d'ADN digéré par
30 l'enzyme *CviJI* (de taille comprise entre 3 et 5 kb) dans le plasmide pBAM digéré par l'enzyme *SmaI* et déphosphorylé. Après électroporation de la souche d'*E. coli* DH10B, 400 clones ont été isolés et parmi ceux-ci 330 séquencés (290 dans les deux

41

orientations, 40 dans l'orientation + ou -) au Genoscope France. Les lectures ont été assemblées en un seul contig de 44,16 kb dont la composition en bases est conforme à celle de l'ADN du phage, c'est-à-dire 69,3 % G:C et 30,7% A:T (à la place de D:T). L'ensemble des ORFs déduites de ce contig a été comparé aux différentes banques de données, ce qui a permis d'annoter tout particulièrement 54 d'entre elles représentées sur le tableau 1 et tout particulièrement 14 d'entre elles (en ne tenant compte que des homologues statistiquement significatives avec des protéines bactériennes ou phagiques connues) mentionnées « très significatives » sur le tableau 1.

PROTEINE	Nombre aa	Cadre	Position	Très significatives	SEQ ID n° et ORF n°
ADN A réplication chromosomale initiateur de protéine	134	-2	661 – 1062		14
ADN Polymérase	50	1	963 – 1112		18
Polykétide synthase	177	-1	1308 – 1838		26
Beta glucosidase	135	-1	4698 – 5102		68
ADN hélicase	51	2	6280 – 6432	X	86
Sigma facteur	203	-3	6806 – 7414	X	92
Ribonucléoprotéine	100	1	8064 – 8363		105
ADN protéine de liaison	656	-2	8320 – 10287		109
ARN protéine de liaison	92	1	10299-10574		134
Réplicase	55	-1	11052-11216		142
Putative RNA Pol IIIADN dirigée sous-unité large	72	3	11237-11452		143
DNA topoisomérase I	186	-1	11613-12170		148
ADN protéine d'emballage	448	-2	11956-13299	X	152
Protéine de capsid	109	1	13629-13955		169
Adenylosuccinate synthétase	419	-1	14235-15491	X	175
Putative transcriptase inverse	113	1	15132-15470		187
Transposase	65	3	16799-16993		208
Exodéoxyribonucléase VIII	347	-2	17113-18153	X	211
ADN hélicase	424	3	18962-20233	X	234
DSARN Adénosine désaminase	172	3	20237-20752		246
RRNA Adénine N-6 méthyltransférase	63	-2	20671-20859		250
Protéine de virulence E	738	3	20921-23134	X	257
ARN Polymérase II sous-unité large	69	-1	21444-21650		264
Putative ARNt endonucléase de clivage	251	-1	23316-24068		286
Enzyme de restriction de type I (M protéine)	60	-1	24072-24251	X	298
Protéine d'enveloppe	385	3	25685-26839	X	316
Guanylyl cyclase	111	-1	27183-27515		332
Uracyl-ADN glycosylase	65	-2	28063-28257		342
N-6 aminoadénine-N méthyltransférase	74	1	28239-28550		347

Inosine 5'monophosphate déshydrogénase	67	-1	28401-28601		348
Protéine de membrane	377	-1	28617-29747		351
Polymérase	94	-3	28871-29152		355
Transkétole	82	-1	29751-29996		364
Ribulose biphosphate carboxylase	61	2	29893-30075		365
Protéine d'absorption de la queue	860	1	30105-32684		369
ARN protéine de liaison	247	2	30118-30858		370
ADN Pol III sous-unité gamma	103	-2	31876-32184		380
λ protéine de la queue M	159	1	32889-33365		392
λ protéine de la queue L	509	3	33023-34549	X	395
λ protéine de la queue K	271	2	30118-30858	X	406
ARN Pol bêta (fragment)	84	3	35267-35518		418
λ protéine de la queue I	236	2	35458-36165		422
λ protéine de la queue J	1456	1	35598-39965	X	425
ADN topoisomérase I	79	2	36169-36405		429
Dédoxyadénine méthylase	74	-3	36428-36649		432
ARN Polymérase II sous-unité large	146	2	36646-37083		433
ADN Polymérase I	63	-3	39089-39277		454
ADN gyrase sous-unité B	101	3	39989-40291		464
Dioxygénase	301	-2	40156-41058		466
ARN guanylyltransférase	190	1	41097-41666		472
Lysozyme	381	3	41951-43093	X	484
ARN protéine de liaison	129	-2	42457-42843		489
Transposase/exonucléase	110	3	43097-43426		494
Phosphodiesterase	58	-2	43417-43590		500

Il s'agit notamment des protéines intervenant dans la formation et l'assemblage de la queue du bactériophage λ : protéine de la queue MLKI et J, de la protéine GP17
5 qui joue un rôle dans le packaging de l'ADN dans le bactériophage T4, d'une exonucléase qui pourrait intervenir dans l'exclusion de la base A, d'une RNA hélicase, d'un facteur sigma et d'une succinyladénylate synthétase.

L'identification de gènes codant pour un facteur sigma et une hélicase conduisent à conclure que la transcription du génome de S-2L et la réplication de
10 l'ADN du cyanophage requièrent vraisemblablement des protéines spécifiques codées par le phage et dont l'activité pourrait dépendre de la base D.

D'autre part, il semble très vraisemblable que la base D soit formée par modification hémirépliative. Entre les deux voies de biosynthèse de formation de dDTP décrites ci-dessus, l'identification d'un homologue du gène de la
15 succinyladénylate synthétase appelée ddbA (pour désoxyribodiaminopurine biosynthetic gene A) conduisent à conclure que c'est la deuxième voie qui est

vraisemblablement empruntée lors de l'infection phagique (figure 2).

Plusieurs tests ont été effectués dans le but de déterminer l'activité de la protéine correspondante. Les résultats suggèrent que l'expression de *ddbA* permet de restaurer la croissance d'une souche d'*E. coli* exprimant le gène *yaaG* de *Bacillus subtilis* en
 5 présence d'une concentration élevée de dG (10mM). D'autre part, la 2,6-diaminopurine devient toxique (10mM) pour *E. coli* lorsqu'elle est sous forme phosphorylée (ce qui a été testé dans la même souche d'*E. coli* exprimant le gène *yaaG* de *Bacillus subtilis* soit MG1655 pSU *yaaG*) ce qui permet d'avoir un crible pour identifier in vivo la voie complète de biosynthèse de la base D.

10 Toutefois l'identification complète n'est pas nécessaire pour obtenir dès à présent des bases D par les procédés décrits précédemment.

Une autre approche consiste à exprimer systématiquement les ORF spécifiant tous les gènes possibles de S-2L et à combiner les activités brutes résultant de cette expression pour faire apparaître in vitro les métabolites de la voie. Une voie
 15 métabolique inductible produisant le dDTP sera ensuite édifiée chez *E. coli* par assemblage des gènes appropriés. La voie ainsi édifiée sera appliquée à des précurseurs synthétiques pour générer des nucléotides déviants par la base et le sucre.

L'utilisation de la base D dans les processus de réplication et de transcription est systématiquement recherchée dans les extraits des bactéries exprimant les ORF
 20 phagiques.

Les résultats ci-dessus ont été obtenus à l'aide des travaux suivants. Le gène *ddbA* a été exprimé chez *E. coli* sous le contrôle d'un promoteur inductible et plusieurs tests ont été effectués dans le but de déterminer l'activité de la protéine correspondante. Les résultats obtenus montrent que l'expression de *ddbA* permet de
 25 restaurer la croissance d'*E. coli* en présence d'une concentration élevée de dGMP. D'autre part, la 2,6-diaminopurine devient toxique pour *E. coli* lorsqu'elle est sous forme phosphorylée ce qui devrait permettre d'avoir un crible pour identifier in vivo la voie complète de biosynthèse de la base D. Le gène *ddbA* a été amplifié en utilisant 100 pmol de chaque oligonucléotide ngaattcaagctttcagcgacggttagcgggcatac et
 30 nnnnccatggtgaagaactgcaacctgatc, 100ng d'ADN de S-2L comme ADN matrice, 200mM de chaque dNTPs, 10 ml de tampon Pfu polymérase 10 fois concentré, DMSO 10% et 5U Pfu polymérase. Les cycles d'amplification étaient : une étape de

44

10 min à 95°C, puis 25 cycles 95°C 30 sec, 56°C 30 sec, 72°C 2 min 20 sec puis une étape de 10 min à 72°C. Le produit d'amplification a ensuite été purifié à l'aide du Kit Jetsorb (Genomed GmbH) puis digéré par les enzymes de restriction NcoI et HindIII. Après purification, le produit d'amplification a été inséré dans le plasmide pBAD24
5 (Guzman et al., 1995 J Bacteriol 177:4121-4130) digéré par les mêmes enzymes de restriction. Le gène ddbA est dans cette construction exprimé à partir du promoteur de l'opéron araBAD qui est inductible par l'arabinose.

La banque de cyanophage S2L est maintenue dans la souche d'*E.Coli* B2033 déposée le 24 janvier 2001 à la Collection Nationale de Cultures de Microorganismes,
10 Institut Pasteur, 25 rue du Dr Roux, 75724 PARIS Cedex 15, France, selon les provisions du traité de Budapest, et a été enregistrée sous le numéro d'ordre I-2619.

Grâce aux travaux réalisés par les inventeurs, le séquençage du génome de S-2L permet d'altérer, d'inhiber ou de diversifier la synthèse des acides nucléiques in vitro et in vivo.

LISTE DE SEQUENCES

<110> Institut Pasteur
Centre National de la Recherche Scientifique -CNRS
Génoscope

<120> Banque génomique du cyanophage S-2L et analyse fonctionnelle

<130> D19791

<160> 527

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 45570

<212> ADN

<213> Cyanophage S-2L

<400> 1

```

gcgccctgtc ggaggggtcct ggacgacacg gtgacgttca aggtgggagc catcggtatgg 60
ccctgcgccc tggggatcct gtcaagggtca tggacccgga caagggcggg gtccgcttcg 120
gcgggtcgggt ggttgcccag gacggcgaca cgatcacgct cgacgcggca ccccgacac 180
ccctcgccgg ccgggggagc ccagccccgg ggggcaccgc ccacggacgg gccggtcatc 240
cggaagccga ccgggggcccc gcgccacgac ggcaccggga tgaagccgac cggggccccg 300
cgccagggggc ccccgagggg ggtgcccggc aggggcgggt cgtaggccct gggcggggtc 360
tgccagaccg ccgggctgtc gggccgctgc ccacgccagc cggggcgccc cgggtcgggg 420
atgaagccgt caggtggggc gtcggcccag gccgcagccg gcaccagggc cagcaggagc 480
agcaggagcc tcatgcggcc tcctgtatgg cggcgtagat ctcccggagg cggtcgcccg 540
tctggcggtat ctgctccggg gtgcagggga cgacgtcgag gcggacggcc ccggtctccg 600
agcagacgta gggcatgtgc ggctcgaggc ctccggggcc ggtcgagggg gcgtcgttca 660
ctggggcacc ccctgggtcg aggtgggctc ccagccggcc tgccccagca ccagatccac 720
cccggcgatg cccagatcga gcttgccggt ggcgaggatc tccttcctct tgtgctgggc 780
cacctcgata gtcagccagg ccatgccatg ttggaggacc gagtcgatgt gcggggtgta 840
ctcgttgaaa tcccggttga gctccaggag gtaccagccc cgtttgtcag tgagggcgta 900
gacggtcctc cgaggacggg agtcggtagc agcgttcgaa gtgggcgagg acatggggat 960
aggacgagtg gacgaactgg gcctcgggct cagggggccg tgccgaggcc ggaggggtag 1020
gcggctgttg gcggcggggt gggaccccc a gaccaagcg gatcaggcga aggagcagca 1080
acatagacgg ctgtaaggac ggcgaggact gctgagagaa taggggagct catgaggcgg 1140
ctctgcgcat gcgggattcg gcgttgggga ccacgtgcca gttggcagac gaggccgggg 1200
tgacgacggt ggcgccgttg ggggtgcttc agatcagggt cttgccctgg cgggtggagg 1260
agaagcccc a tcgcttgggc gcagcctcga tctgggcctt gtagctaccg gacacgggac 1320
aggtcctccc gggcttcggc tgggggctcc tccagccaga cgcgcatgcc gccgacgagg 1380
gcgcagaggc gtccctcgca gctgaccacg cggccggccg gatagttgag gacctggggg 1440
ctgagaggga tcccggggag cgggtgcttg atgcggagtc tgggcatggt gtcagagggg 1500
ggaggggggt ggctccacca ggtcgagccg ggtggcctct tgaagctgtc gctccacctg 1560
ggcgtgggtc tcgaggaacc gctggagggt cgcgacgacg cccggctcca ggtaggcgac 1620
catgggagag cggtgggtcg tgacgcggat ctccaggccg tagccatcga aggtcgcgta 1680
gacgccgtcg ccgacgtggc ggggtctgtt ggacatggga tcaacggcaa gcgagagaga 1740
tcaggcgctg ggtgtcggag atgtccttgg ggggtggagt ggggttgacc atctccagga 1800
acagcagggt ccggtaggcg gtgcaggcgc cctgcccgtc accacgggca cggctgcgga 1860
cgccatactc gactgcgccc agctggggct agaggcgaaa cacgcccgtg ctgggctcga 1920
gcggggagcg ctgcgctgtg gtggcgggca agacgacgag gccaccgcag aaggtggaaa 1980
ggaaggcgta gaggggtctc atgggagggg gtggagggtg acacctggaa aggggcccc 2040
gggggccccg gaggggttcg gccgtggccg ggggggggtc gcccaggctg agggccagct 2100
tgccggcctc ggccagggtt agagactggc agtcggcatc gttggcgatg tcgccgccgg 2160
ggcgagcagat ggtgtagcgg cccatgcgga cccaaccgga catgtagtag ccggcgggcc 2220

```


ggagggcatc	ctggatctgg	gccttgggtca	gggccttggg	ggccgctgtc	gtgtgggcca	2280
cggtcgcctc	gategcccg	ccccgatct	tcgcagcggc	tgcgatggcc	aggccggggc	2340
ggccggccca	gctgtgggcg	aaccaggtgc	cgtcgctgga	ctggcgggcg	acgcagtggg	2400
tgtaggtgcg	ctcgcccgac	ttgcgggttg	cggtggtgcc	gtcggggagg	gtggcggtaa	2460
aggtggtggc	cattgggggg	aggagcggtg	gaggggcagt	tccccctccg	ttccactatt	2520
aaagcacggg	agcaatcccc	gcgcaatatg	tcacagacgg	atcgagtcag	ccaggatctc	2580
aagccggcgc	accagttccc	gggcctgtct	gatctggtgg	tccagccggg	cggacatcgg	2640
gcaaacgggg	gccgccgaca	tcttctcgag	caccgggggc	gccatggggg	gctccatcga	2700
cagcaccggc	tcgagccgtt	cccagaggcg	ggaggtggag	ttgtgcgtct	gctgcagcag	2760
gtcctcgagg	gcggacatct	gctccaggac	gccgggggtg	ggggcggacc	tgggggcgct	2820
ctctcggatg	gcgtcgtacg	gategcgggg	catgaggggc	atgggcgggt	ggaatagggt	2880
ggggggccggc	ctgagccggg	atccccacta	tagcacgggg	caatcagccc	tcgtcgtcgt	2940
cgcctcgtc	ggggtcgggg	cagccgagct	tgggtggcgag	ctcctccacc	agctggttaa	3000
aggcgcagta	ctcgatgtcg	ttgatctcgg	cgtggatcag	cggcggccagg	gtgccccaga	3060
cgttggcgtg	ggcctggccg	ggctcgcagt	ggtcgtacag	atcggcgggg	agctcgtcgg	3120
ccctgtaggc	ggcggtcagc	tgggtttatg	agtcccaagc	ctgggagatc	agctggaggg	3180
cggtggtctt	gtccatggtg	ggggagcggg	gggggcgctt	cggcccccg	atacctatta	3240
aagcacggcg	gattcagccg	cgcaatacct	cagcggagat	cgggggttcgt	agtgggtccac	3300
ccctgggcgc	ggtatcggcg	ccagtcggct	cgggcctccg	ccaccccgac	ggtgtgggtg	3360
tcgtgggcat	agccggacca	ggtgcttata	cggacggcct	ggccgtcacc	caggggcatg	3420
tagctccggg	agacacggtg	cagaccagag	agcaggggtc	ctggcaggta	gagcttgtga	3480
atcggctggg	atctcgacat	cgtgggggga	gcagtggggg	gggacggggg	gggggcccgtg	3540
gggcccccg	gtggctcagg	ccaggttgac	cttgacgtgc	tcgatcagct	gcgccacctg	3600
gctgtgcttg	tagagggtgc	cccagtaggc	gatccgcttg	tactgggtcct	acaccaagta	3660
gctgagcccc	tcctggcccg	cgtcttggat	gacgacggtg	ttgccctcga	tgggtgcgctg	3720
ctcgaggteg	gcctcgagga	tgcgcaggtc	gtcgattacc	tcagcccggc	aggggccaag	3780
ggttaggccc	gcttcggcga	actgggtgtg	gatgggtgtc	atggtttgga	agcgggtggg	3840
gcgcctcggc	ccccgtacaa	ctattaaaac	acgggggatt	cagctgcgca	ataccccggg	3900
gctggtcagc	ccgccaggta	ggcgaaggcc	tcccggatct	cggcgtcgtg	gacgatcttc	3960
tcggtgaggg	tgcccaagggt	gtgctcctgg	cagaaggcca	cggcctcctg	gacctggtat	4020
atggggccag	agatcgtgta	gtggcaggtc	gagcgggaagg	tccactcgat	ctgggcgcca	4080
cagccggcga	ggatctgggc	ctcgatctgg	cgggcgatgg	cggggagggg	ggcgcgggtcc	4140
atggggctct	gtgcgggtgta	tacctattaa	agcacggcgg	attacgaggc	gcaatacgcc	4200
tcggcccagg	ccaggatctc	ggcccgggtg	cccacgaaca	ccacccgctc	ctcgccccac	4260
tggggctggt	cgaggggggt	gccgtagggc	ataccgtcgg	cgacccggac	gtggtagatc	4320
ggggcccggc	tgctgccctg	gcgcgcggcca	tgctgacgat	cgaagtgcac	ctgagcgggg	4380
ccgttggcgc	cccgggtgctt	gcggcactgg	gagatggcca	tccgggcggc	ctggaggggtg	4440
cgtaacttgg	ccatgggggtg	tcgggggtggg	gtgggacgag	tgagggggccc	ctcccggggc	4500
ccggaggggg	tcagcggccg	gccgccatct	gggccttgcc	ggcgtcgggtc	agcaccagca	4560
cccgggtcga	cttgcggggtg	ccctcgatgg	tggccaggag	gccggccttc	ttgaggttgg	4620
tcaggcgggg	cgctcgggtg	agggggatgt	gcaggacggg	gccgagcatg	gcaccacggc	4680
cctcgccctg	ctgctcaatc	accaggccga	ccctgtagaa	cagcgccttg	gtggcgtcgt	4740
tgagggcgct	ccagggtgaag	ccgggtccgct	tgggctggcg	gggctccggg	gtgtcgaggc	4800
cggctctggg	ggcagcgggtg	cggcagccgg	cggcgggggtc	cacccgggtg	tcggcggcgg	4860
cctcggagat	ggtctgggtg	gcccgtgct	cggcgggtggc	ggcgggtcatg	ccctcggcga	4920
cggcggcctc	ctcggcgacg	gcctgggcga	cgatggcctc	ggccttggcc	aggccgatcc	4980
gcttgccgtg	gcagtagaag	tagccgctgg	gggtgcagggt	tatgccgcag	tactcgacgt	5040
tctgctggct	gtattcggcg	gccagaacgg	cttcgtcgag	ggtgggtggg	gtggggaaga	5100
agtcagacat	cggaggggtg	gcgggtgggtg	ggggttgggtg	ccccgggact	gctgggggct	5160
ggtcggcgcg	tgggtggcgc	ctgggtgcccc	cggactgctg	ggggcgggtc	ggggctggac	5220
tgtgccccct	ggtcggcgcg	tgggtggcgc	catcgggggg	ttgtctctcc	ccccttgat	5280
aactattaaa	gcacggcggc	tgtgcctgcg	caatccccctg	catagccact	tcacagactg	5340
tcacacttcg	ggcctggcga	cggcggcgga	gctcgtcccc	gtaggtgtgg	gcctcgtcct	5400
cgtaccgccc	ctcggcgacg	gggttccacc	cgcgcgatgcg	ctcggcggcc	tggcgggcat	5460
cccagagccga	ccaccagagc	tcgtagtcgg	tcacgcagccg	ggccttggcc	tcccagcggg	5520
cgaagtcggc	agcgggtggca	tgggtgggcgc	aggacatggg	cgggggtggcg	gtggggggga	5580
gggggggatgg	gcccggggggg	cgcggggggg	cggctcagggc	cggcagcagg	tcgtcccggc	5640
agatcggggg	caggacgtcc	cgcttggcaa	cctcgacgag	ggtctcgtgg	ccgagcttgg	5700
cattccagac	ccggaacttg	gccgaggtgg	tgtgggcgcg	ccagtagccg	ggggtgcggg	5760
acagccacac	caggagctcg	accgagctcg	accagggtcag	gtcccggttt	agagcccga	5820
cctcgtgggt	ggccatgggc	tggccgttga	cggtaaagcc	cggcaccg	ttgcccactt	5880

cgtccagctg	atcagattca	cgagaggagc	ggcccctggg	ccgtcgagtg	gggcattccg	5940
cccctgttcc	actattaaag	cacggaaaaa	ccccggacgc	aatacgcccc	gggtcgggat	6000
gggggcccga	gcccccggtt	gaatcagccc	aggtcggccc	cggtgtgggc	ggcccagatg	6060
gcccggccct	cgtcggtcag	gcggagcatc	ttgtgggact	tcttctcgcc	ctcgacggtc	6120
tccaggaggc	ccgccttctt	gaggttggtc	aggcgggggg	cgtcggtcag	gggcaccttg	6180
acgtcgggtg	ccaggcgggc	ggcggcagtc	atgccgtggt	cccgggtggc	ggtctggatc	6240
tcctcgcaga	ggcgggaagaa	caggtccttg	gtcgcctgat	tcagggcatc	gaaggagaac	6300
ccggtgcgct	tgggctcttt	ggtctgcttg	gcgggtggctt	cggtcatggg	ggcttcgagt	6360
ttggactgga	tgtgggcgag	ggcggcctcc	tcgggtgcaac	gggtgccgtc	gatgctgaat	6420
cggccgcttg	ggtgaacctt	cacaccgtaa	ccaccagcgg	gggtgttatc	gcgctgggcg	6480
acggtgggtc	aacgcttgat	gagatcggcg	ggctgaacgg	tcattgggtg	cgaggcgggtg	6540
gagatcgtgt	ctgtctccgt	tccactagta	aagcacgggg	gctatgccct	cgcaattccc	6600
cgaatagacg	gttcacaggc	tgtaacaaac	gccctgctcc	cggaggcggg	cccgcagccg	6660
ctgcaggctg	gcggcgggcg	ccttctcgcc	gtcctccagc	cgctgcagca	ccggctcgag	6720
ctccggggccc	gccgcctcac	aaagccggcg	gtacagggtc	gggtcgggtc	caggcggggg	6780
cggggcgggc	gcctcaaact	cgctaccatc	ctccagcttg	ttccgcatgg	cgccggtcga	6840
caacaccacc	gagcagagcc	tggccccccac	gacgagctcg	tgggtccggc	gcccaggccg	6900
gcgcgctcca	ggatctgctc	cgggtgccgc	cctcgccatc	ggcctctgtg	tagtcggtaa	6960
gattattttg	ggccgtaagt	gtcataccga	tgttgccgtg	gataaggtaa	atcacacggg	7020
tgatcgattc	aaggataaaa	cacatccggg	gcgtgcattt	attgttacag	aagctgcgga	7080
tgtagagctc	ggcggaaacgc	tgcaggccga	tgacccccctc	ctggagcagg	tcggcgtagc	7140
tcagggaggt	gccgtcgagt	cgccgggtgt	agtaccgggc	gatcgatgcg	accaggcgca	7200
ggttgacagag	gacgaaccgg	tcccagagccc	gtctgccgga	ccggacgatg	gccgggggca	7260
ccggctccgg	gtgagtcagc	caggcttgga	tcgggcgccc	caggaggatt	tcctcccggc	7320
gagtgaggag	ggggtacttc	ccagcgatgt	cgagggaagg	caggtcgtct	gacaccaggg	7380
tggggcggtg	aggctgtgct	accatagcac	agcgctatgc	caccacaaat	gccgaatgcc	7440
ctcgaacgga	ccctcaacca	gaggggcacc	cagtacggcc	cagcccggga	gcagtgggcc	7500
ctcgcccagc	ggatcaaggg	tgccatgcgc	agcaccgagc	gattccacgt	gctgagcccg	7560
gttgaggccg	aggccctgga	ccagatcgcc	accaagatta	gccgcctgat	ctctggcctg	7620
cccgagcagc	acgacacctg	gcacgacatc	gccgggtatg	ccaccgtggc	cgagcaggcg	7680
ctgcgcgagg	aggccgatgc	aggactggac	tgagatcctg	gccagggcgg	ggctcccgga	7740
gccccccggg	taccgggaga	cgctcgccga	gatgcgcggg	cccggatacg	aatccgaggc	7800
ggccaagtgg	cgccgtctcc	aggccgaggc	cgcagcggcc	cgggcagagg	cggccaaggc	7860
ggccaagcgg	agggcgcgat	gaagggtggtc	gtagacgcgc	tcattgggcg	cgtcgcccag	7920
tcgatgtcgg	cgttcttctc	gcgccccgctc	acgggtccaag	acttgagggc	ctggggcaac	7980
cacctgtacc	tggagcatgc	gggccccctg	ggcgacgccc	caccgggtgc	ggcctgggtc	8040
caggagtggc	ggatcctgct	tgacggggcag	ctgggtcggc	tcgtccagca	ggtcgctttc	8100
cgccaggggc	accggctcca	ggtccgctcc	cgggggtggg	tgcgtccgat	gtatctgtgt	8160
gctatgctgg	gagtagagga	ccggaagaca	tgaaacgaga	cgacatcaag	ggcgcaccgc	8220
tgatcctggc	cacaggacgc	ggtctacccc	ccgacccgaa	cgagccgccc	aagggcgacc	8280
tggccgcctg	ggccgcctac	cacggcatcg	agtacgtcaa	ccgggcggag	gagccaccgg	8340
cacctggcga	agaaccacgc	gggtgaacgc	gccctcagcc	ttgggtgat	acccacctgc	8400
gctcttgggc	ggggtggccc	cttcctcgat	gcggaccacc	tcgtagcgga	ccccctccgg	8460
catgagcacc	tcgagctcgt	cgtcgaactt	tgacatgctg	gagatgggga	cgccgtggag	8520
gttgtcctcg	actacgtatg	tcaccgagta	ccggtccttg	cggtacaggg	cgttgaaccg	8580
gtaggacacc	gactcgtcgg	tgggtccagct	ttccagcgtg	atcgacggct	cccgggtcgc	8640
gatgcggcgg	atgtcctcct	cgatggccgc	tttgctgtgg	tagcgcgatgc	cccggtaggt	8700
cgggcccgcct	ttgtagacgg	gcgcccgtcg	gatgaagtcc	tcgagccggt	cggccttgtc	8760
gagtaggtct	gccagccggt	cgtcggacat	ctgcttcctg	gccatctgct	tacaaaaatc	8820
ggtcagatcc	atgccccggg	cctgggcggc	cttcacctgg	gcggtgcgga	tctcggtgta	8880
accagagccg	gtccagtcgc	gcacgacggc	ccgggtgcttg	gtgcggtact	tgtgcttgat	8940
gtcggttgtg	gtgtcgctat	tacgacgggc	acgcacctca	gaatacagcc	tgggcgggtg	9000
cggcgggtgc	ggggccgggg	ctggggccgg	gcgggcacga	cgtggcgccc	gggtgaccac	9060
gggagggggc	ggagccggcg	gcggggccac	tgggtgcggg	tggaccaatg	gagggggccac	9120
gacgggcttc	ggagccttgg	gcttcggctt	gggcttcgga	ggcggggcgg	gcttcttgac	9180
actgccgggc	cgcaggagct	cgaccacggc	cccctgggga	tccttgacgt	acttgccctt	9240
ggggccgggtc	agcttccgga	accgggcccag	gcgggccttg	gtgccgagca	ccgcctgggc	9300
ggtttctgtc	ttggaccgct	gcagcatcgc	cccgacgggtg	cccccggggt	tgtcccggcg	9360
ccggacccaa	tactgctggc	cgttgatctt	acggggcgctc	ttgtaggcgg	cctccccggg	9420
ccagccgggc	ggcgggggca	gtcgtttgcc	cttggcgctg	tactgcaccg	gcacctgttc	9480
gaggtaggtc	tccggcaggg	cgcccagggt	gtcgctcagc	ggggtgagcg	gcaggatccg	9540

gcaccgctcg	ttccagtggg	ccggccaggg	ggccttcttg	cgctccttgt	acctggtgcc	9600
gtcgagcggg	gcgcacaccg	ggcagagccg	gccgtcgttg	ctggcgtccc	agatgtagcg	9660
gttgccgctc	ttgtctccca	ggacgtcctc	gttggcctcg	ttgaatgcgt	catgcgccgt	9720
ctggctggcc	tgggccatcg	acgtacggac	cagggcttcc	acctgccggc	ggttggccgt	9780
ggccatcgcc	gtccggacgt	cggcgacgat	ctcggagttg	gatttggaca	ggaggaagcc	9840
ctcccggagc	cgggcctcga	tcagcttcgt	ctgcccctgc	tggaatgcag	cggtcgccgt	9900
gccgatggtg	tagggctggc	ccgacgcctt	ccggaggagc	ccagggaatg	tccggaagcc	9960
cgtatcccgg	gcgacggcca	ccagctgctg	cggggtgacc	gtgacgcccc	cgacgcccac	10020
cgagaggccg	tcgacgcgcg	aacggccacc	ggggtcgccc	cgacggcccg	caggtaggtg	10080
tcggcctgca	ccagcccctc	ggagaacgcc	tgggcctggg	ccgggggcag	cacggcgtcg	10140
atccggtcgc	cgacggcggc	cacctgggcc	tggatgacgg	cgagcgtctg	gttcaggcgc	10200
actgccgctc	gagccggccg	gcgggcagcg	tctggagctc	ctcgaggatg	cggcgggtgg	10260
cctgctcgta	ggtcgggagg	atccggctca	gcgcctgatt	cgagaggctg	cggagggcga	10320
actggtcccg	gacgaccagg	gcctggggat	tactcgtca	gtctccgggg	ggtcggcctc	10380
cgggtcggct	tccgggtcgg	cctccggatc	cggggtgtcg	gcctccgggt	cgagctcctc	10440
ctcggctctc	tcggcctcct	cgccctcgat	ggtgtcccgg	agctcctcga	cgtccacgct	10500
gtcgggcagc	cattcgccgg	tctgccagac	cgtcaggaag	gtctccaggt	cgatgccgcc	10560
atcgatgtac	gccttgaggt	agagctccgc	ctcctcctta	gtcagcttgg	cgtggtcgaa	10620
gtcgtctgtc	atgacgaccg	tggacgcctc	ccggccgggt	tactccccac	accagttcat	10680
gacgatctgg	agcgtcgagg	ccaggctctc	ggcgatgacc	gagagcatgc	tgttggaattc	10740
ggcccgggtca	agtgtcttgg	ccccctcggg	ctcttggaag	gtctgctgct	gggtgaggac	10800
cgagatgccc	agctgggtga	tctgctcctt	gagcacctcc	agttctttct	ggtgcgcctc	10860
gcagctggcc	ccggtgatct	cgcaatactt	ggagccccc	ccgatgggg	actgcaaggc	10920
gctgttgacc	gagagcccga	tctcgccatc	ggtgttggtc	gggtccaggt	cgtcggcctc	10980
ctcgtcgtcg	tcgccctccc	agccgaccat	gtcaaggatg	ggctggccgg	caatcgtcag	11040
cacctgggtc	aggtcgtcgc	gccgttgga	atgggccagg	ttgagatggg	cgcagtcctc	11100
gagcgggggc	cggctgagca	gcaccccctc	cttttggtg	taggtcgtgg	ccagggggat	11160
ctctttgagt	gtgggtgtcg	cgctctcgtc	ctcgaccttc	tcccaggcgg	tgccggtcag	11220
gcgcagcacc	tcgtaggcgc	ccggggtcag	cacccggatc	tgtctcctcga	cgttgacccc	11280
gtacttgccg	gcgggcacct	cgacgtactc	ccggatccgc	acctgctgga	ggccggagcc	11340
ctcccggggg	ttgtgccggc	ggccgatggt	ggcccagcag	ggcacctgca	ccagaaatgg	11400
cttgtccccg	gccagccgct	ggtcgagcag	gctctggcgt	tectcgctgg	tgtagtcggc	11460
caggaccgag	ctatgcccg	aagagatggc	cagcccagag	gttaccgggg	cgaagtcgtc	11520
cagggaggag	ccttgacggg	ccacgtcttt	gcgccactcc	tcccagtagg	cctcgtcgcc	11580
cccctgcagc	tggatcggct	tccggaggat	caggccggcg	ccccccggat	caggcggggc	11640
aggtaggggg	tgtacaccgc	ccgggagacc	cgcccgatgt	actgccgttt	acgctcccgg	11700
gggaaccggg	gcaggtagta	atcgcagaac	gcccggagg	accggacgcc	ctccagggtg	11760
gcccggatca	cctcccagcg	gcgcagcatc	accggtagg	tcaggtcggg	ttcgttcggg	11820
tcgtccggcg	ccagggagtc	tectcccagc	tttgccctcg	ccagggcctc	gggattcagg	11880
accgtgtgat	cccgccagcc	gagggcgggg	tccatcgggg	cggaggagg	cgtctcagtc	11940
ataccccgga	gcttagacca	gcgagaagtt	ggaagagccg	gaacgccagc	ccttgacgcg	12000
gttgacaggcc	gacaggggca	ggtaccccag	gcggtccgtc	cagtgtcga	tcccgggctt	12060
cttgctcgat	gcgaagccct	cggccccctc	cttgacgcag	acgcctcgga	ggcccttgat	12120
ggtcttcttg	caccgggggt	gaatgcgata	gtggcgctcg	ccgtcggcgg	tcatgaccag	12180
cgcgttcgtc	gcgttgagct	tgtccttgac	gccccagggg	gagttcgggg	tgaggacctt	12240
gaggccgtgc	ttccggagga	tcgtatggtc	ggtgacgccg	gcctcggcgg	acgtcttccg	12300
gctgttgccc	gtcgggtcgg	ggcagaccac	gaccttgccg	ccttggaaac	gctcggccag	12360
gtagcgcccc	acctcgtcgg	tgttgctggt	cggcatgttg	atctcgtccc	actgcagcag	12420
ccgcttgccc	gggaggatcg	agcagatgac	gccggccatc	accgacacgt	taaagtcgag	12480
gccgacgtag	accgtgccgc	cgttgctcctc	ggcgccctcc	cagatgttct	cctggccgaa	12540
gtcgtagtag	gcccggccgg	cagcagcctc	gaagctggcc	tcgtactcct	ggcgggaagg	12600
gcgggggtcg	aggtgggttc	gggccttctc	gatctcggcc	tcggagaccc	ggccgcccctg	12660
gatggtggtg	aactcgaagc	gggcccatte	cgggtcctcc	tccaccgact	cccagagctc	12720
gtggtaaatg	ttgaagccct	tcgggggtgg	gatctgccag	cacggccctc	cctgggtccga	12780
cagcgccggc	tgcagcacct	cgggtccagag	ctccggcttg	gtgaacgccg	cctcgtcgat	12840
gacggccccc	gacaggctgt	cgccccggag	gctgtcgggg	ttgtccgccc	caaagagcgt	12900
cagcgtcgcc	ccgttccaca	ggtcgatccg	gagctcgggt	ttgttgatgc	cggcgacata	12960
tgtcgggtcg	atcagcttct	tgaggcgctt	ccaggcgatc	cgttggcccg	cccggtaggt	13020
cggggcgacg	taccagtagt	tgcctccggg	gtgggacatg	ccccagttcc	ggaggcggat	13080
cagggccagg	tgcgtcttgc	cgaagcgccg	gccgcagggt	agcaggacgt	tgcgccggcc	13140
gcacgtgtag	atctgcgcct	gggggcccgt	gagctcccgg	atcgactggc	gctcatcaaa	13200

agctagggttg	gatccccggc	ccgaccggga	gccgaggatc	gtgccgccgc	aggtggctgg	13260
gaagagcatg	tagcgggtac	gacgcccata	tcctccacct	taatagtggc	tctgttccgc	13320
agctgcagga	cgagctcctg	ccgatcgaag	cagtcgatct	ccgcctgcgc	gagcatgcca	13380
agcaggtcct	cgaatcgggc	ctcggcgatc	gcccggtccc	cgcaccagag	gcggcagtcg	13440
gcccctgggt	gagagagggc	ccagtctctc	aaccgggcca	gccgctcgtg	gagcctgtgg	13500
ggcagcatca	cgtcttcttg	atcgtccgct	cgaactggaa	catgagctcg	tcctgcacct	13560
ccacatccaa	caccgagtc	atcaggcgcc	gtttcatctg	ctccatcagc	aggtgctgga	13620
cgtcgtaggc	gtgggcgccc	aggccgttga	ccttgaggaa	caggacggcc	tcggcgggtg	13680
cgcagaactt	ccaaagctct	ctggcctccg	gggccatggt	cgcctcgagc	tcggccacct	13740
ccgggacgat	ctgggcctcg	atgccggcca	ggagctcctt	gagctccggg	gtcttgtggg	13800
gcgtcggggc	gtcgcccgct	cggatctcgg	ccaggctcgt	gaccagggca	aactcgcagg	13860
cctggcggac	cgtgtgctgg	ggcatgccgg	cggcagcgcc	ccagtcccgg	cacaggagcc	13920
aaacgcgcca	catgtgttcg	gcgatgttct	gcgggtaggt	cgtctggacg	atccccacc	13980
ggctgatgtg	ggacgccctc	aggcgctcgt	aggtctcggt	gatctggagt	gtcatgggaa	14040
ggagggggta	tcggaaccgg	ggatgtggcg	catggcgccg	ttatcggctc	gggccaggga	14100
gcgggcccgg	ttgatggcga	gcttggcgcg	gatggcctcg	gtcacgtcga	cgcccaggag	14160
cgtcgccagg	tcgagggcca	ggatcaggac	gtcggccacc	tcgagcgggt	cgtgggcccg	14220
gtcgctggcg	atcaactccc	cgatctcctc	caggagcttg	gcgatggtgc	gccggggcgg	14280
cggtcggggg	tcaggggggt	gatccaggcg	gcgatctcgg	cctggagctc	agcgacggta	14340
gcgggcatac	aaaccttcga	gctctgcccg	ggtgggggtg	tggtagacgt	cggtgacttc	14400
gggccgaagc	cgacgtaggt	cacctccgcc	ctggcctcga	tggcgtcgag	gatgtcctcg	14460
agagccccga	ggctgggcgg	gtactgggcg	aagttgagga	acacctcgtc	cacgccgttc	14520
tgggcgatgg	cctcgtgcgc	ctggatggcg	ctaaacgtaa	agatccggcg	ggggagcttc	14580
gtcacgggtg	tgtactcctg	ctccaggccc	aggtcggcga	actggcactc	gaccgagtcg	14640
gggtagcagg	gggcgctcca	ctcaccggcc	tcggggcggg	tggccacccg	gatcgggtag	14700
gtccgcatcg	agccgacgac	ccgggcgatc	cgggcgacgt	cgtagggcag	gccgcagtcg	14760
gcgatcagct	gggcgctcgt	gacgtcccgg	gcggtgcagt	aggggtaggc	cccgtgggtg	14820
accgacaggc	tgtagccctg	gcacccctcg	gcctggatcg	accgggtccg	aaacagcatg	14880
tcctgggcgg	tcggggtgtc	gacgacccgg	acgacaccgt	ggagcgggtg	atcccggacg	14940
gcctcaccga	acaggagcgt	cccagggcgg	cggcggatct	tggcgataaa	cgccgagccg	15000
gcgccgctgc	gggtcgagcc	tggggccagg	cccccgcgcg	cctcctcatc	ccggtgctcc	15060
tggaggacga	cggcggcgtt	ctggtggacc	cagagctcca	cctgccgggg	gagggccagg	15120
tactcctcta	ggagccggtc	catgtcgatc	accgagccgg	ggcccaggta	gatccgctca	15180
aggctggggc	tggtagatgcc	caggggcagc	atcttgtgga	cgcgggcggg	gccgtcctcc	15240
tcgaccaggg	tgtggccggc	gttggggctg	ggtgccatgc	acagcacctg	cggggcctcg	15300
agcgccecca	ggtagccggc	caggagcccc	ttgccgggtg	tgccgtactg	gcagtcgacg	15360
atcagggttg	agttcttcac	gcgatagtag	gggggaatgg	acagcatagc	acggccgggg	15420
tcagccgtcc	aggatgggac	gcctgggcct	ctcctcgatg	gccttctcct	tgaactggcc	15480
ccggatgtag	ttcagggtgtg	tctgccggag	cttctcggtc	cagtcccaaa	aacctgggt	15540
catggcaggc	aggccgcctt	cccagggtgt	gtggatgacc	cggcggatga	cagcatggag	15600
atcccggctg	ccgttgtctc	ggcggatgaa	tttgtcgagg	ccgtcgatgc	gccaggcgac	15660
catgcccagg	atctcggcct	ctctttgaag	ctcgggtgat	cctcgcagct	tggtagcgat	15720
ctgacgcagc	ctgacggcgg	cgtgggtgtt	gagactcacg	ggggtggagt	ggtggagtgg	15780
tttgtacggg	gaggggcccc	ttgcggagcc	cctgggatcg	atcggtcaga	acgggatatt	15840
gtcctcgccc	aggacgcggg	tcggggccgg	cgcctgggac	tgccacaccg	ggggctggcc	15900
ggtcggcacc	ggggcgccct	cgtggagcgc	tgcgccgacc	tgggcccggg	tcggctgcgg	15960
ggcggccgga	ggggcgtagc	gctggcccgg	ggagccgcct	tgcccgtagg	ccggggccgc	16020
cggggccggg	gcctgagcgg	gaggggctcc	cggggtcacc	cactgctggg	tctgggggtt	16080
ccacaccggc	tggggcggct	gcgcggccgg	tgcgggtgcc	ggggccgggg	cgggctgggg	16140
cgtcaccac	tggccgggtc	gggggttcca	gtagggtgg	ggaggggcac	cggccggggg	16200
cgcctggggc	gcattgggcct	ggggggccgg	ggcctggcgc	tgctgctggg	gcaggccgag	16260
gaacgcgttc	cggggcggct	ggatctggag	cgagatgtaa	ggcttgccgt	tgcggctctg	16320
cttcttccac	ccggagatgt	agagcttgag	gccgtactgg	tcggcctcgg	cccgttccga	16380
gaacaggtag	tcagcgaggg	cggcgacgtc	ctgggcccgt	atggtgcagg	agccgctgta	16440
gtcgatccgg	ttctggctgt	cgtcgacgaa	cagggagccg	ttgagggcgg	gcagctgggg	16500
ggcctggggc	tggggctggg	gctggggctg	gccgtagggg	gcttgcattg	aaagagagcg	16560
gttgggtgtg	gtcgtgggtc	ggctcagagg	ccgaacgcgt	cagcggcgcc	ctgctggatg	16620
gccagcgggg	gcgggcccct	gggcggcggc	ccggaggggc	cgaggccgaa	cgcgctcgtc	16680
gggtccccgc	tgtgctgcgg	ggtgatggcc	gccgtcggct	ggggcgatcat	gctgtcctca	16740
gtgtcggccg	aggccatgcc	gaggatggcc	atcacagcgt	accggcgaag	gtacgtgac	16800
gtggcgccca	gctgctgatt	ggagggtgtt	cgtctgggtc	gctcgtagaa	caggacgacc	16860

gggagctccg	aggagacgca	ggccccggac	tcgtaggtaga	gccaggtgga	gaggacggcg	16920
accccgggct	ctgggccccg	gtcaaaggtc	tggacgatcg	acagcccag	cttggttcgcc	16980
tcccggacag	ccttgaggac	ggcgctcagg	tcgacgtagg	ggccgaagct	gccgtcggcg	17040
gtgcgctcga	cgacgctgtg	ctcggcctgg	aactgggcca	gcgccttgag	caggagcggc	17100
atccgtgggt	cagcggaggt	cataggggaa	ctcgacgatg	gtgttctcgt	aggcgggcca	17160
gggctgatcc	tggccgtact	gctgcagggtg	ctcggcgatc	tcctggaggc	agatctcgtt	17220
ggtcactgca	gcggcgttga	tggcatcgtc	cgggagccgg	acgacccggg	cggcgtgggg	17280
cgcctccgac	tcgagcagca	ccagcaactg	cccctggggc	ggacggccgg	ccaggcggag	17340
gaccttgagg	tagtaggccc	cctgatgatc	gtagccgtag	tcccggatcg	accacttgaa	17400
cttgccattg	ctggcgctcg	ccgtgggtctt	gacgtcgatc	agccacccgg	ggctgggtcca	17460
cgcgtcgagc	cggatccttga	gctccaggcc	cgtgggtcggg	tcgatcgcga	agaccgactc	17520
ctcgggtggag	accaccgtct	cggcgatgcg	cttaatgacg	gggtgcttga	gggcgacgtc	17580
ccgcatggct	aacacctgct	ggtagggccgc	cggggggatc	gtgagctcgt	acttggcgctc	17640
gtgctcggcg	tgggcctcct	tggccgcctt	cgacgtcttg	ggcgtcgtca	gcgcctgacc	17700
gaccgccttc	tcgaagcgct	ccggctcgag	cagggcgatg	tgcaggggcg	tccccatctg	17760
catcgaggcc	gagggcggt	tcggtacgaa	cgaggggctg	tacttgcggt	gccagtagtg	17820
gagcggcgac	cggcgggaaga	gcttgaggtc	gctcgatccg	atcgccgggt	gggcgtgggtg	17880
ctgctcgttg	gtgagcttgg	ggggctgggg	ctggagctcc	tccgggggtg	gctccggggc	17940
ctgggggtgcc	tgggtcatcg	ggtcgcccgg	cacaggctcc	ggaactcctg	ggtcgtaagc	18000
acctgggtcc	caccttgcg	ggagatagca	gtacgggtgc	cgcgccgagg	gccacggtag	18060
aagcgccatc	cgaggtgcca	gaggcggtag	gtctcttgag	aaagggtccac	ggttgttggtg	18120
ggattgtggg	ggctcccggc	cccgttaca	cgactataac	atgccggcta	gcccgcaca	18180
atactgcccg	ctgcgagtag	ggccttccac	cggctccggg	cccaggccgc	cgccccgacc	18240
cggaccatca	gtgcgtcctc	gccaagcag	ctgtgctcga	agacgatggc	gattcgccca	18300
gcccgcaggt	cgtagaaccg	gtgccgggtgc	acctccccgg	ggaggcccga	ccgcacgagc	18360
gttcccttga	gctcccagtc	cggggggatg	tccgactcgc	tccagcagct	ggcctcgaag	18420
acaccagct	ggttgtggac	gggggacagc	tgtttgaggg	gccattcatt	ccgcatagcc	18480
ctatcctacc	accgtggggg	gggggcccgg	gacgatctcc	cagcggttgc	ggagccggac	18540
ctgatggccg	gccatccagt	tgtgcagtgt	cttgccgggg	atgcctcgcc	tgtcgcccca	18600
ggtcagcatc	cgtcgcgatc	gcacccgcac	cggggcgcgc	ctggggggcca	ggacgtcccg	18660
gatcaccac	accggggcct	ggctccggtc	gatccgctgg	ccaacccgcg	tctggatcca	18720
ccagatccag	atacccatgt	tccggcggt	agtcattccc	atcagttcag	cggacgccag	18780
ccgggcccagg	gcgcggtaga	aggtggccct	gggcaggctc	aactctgcgg	ccatctcggt	18840
cagcgacggc	caccacccgg	gcccattggtc	ggccaggcgg	ctccagggtca	gcgacaccac	18900
cggggaccac	cgggaccgat	ggcgagcgag	caattcaggc	tgaatcggca	aggtatgcta	18960
ggatgggtgc	atgccactct	acaccgatca	ggagcagctg	ttgaccgacg	cccgggcgtc	19020
gatgctcaag	ggcaacaagc	gcgtgctctg	cgtcctcccc	accggggggcg	gcaagaccaa	19080
caccttcctc	gaggcgggcca	ggcggaaccgt	ggagcggggc	aagcggggccc	tgatcctggt	19140
gcaccgccc	gagctcctcc	accagaccaa	cgtccggctc	atgaagtcgg	gcatcaccac	19200
cgggcccgaac	cggggcggtg	acgtctcgac	gatcggcaag	cggacccact	tccggccgga	19260
cctgctgatc	gtcgacgagg	cccaccactg	cgtcagcccc	acctggggccc	ggaagatcga	19320
cgagtacgac	gtcccgtctc	tgggctggac	cgccaccccc	gagcgggtcg	acggccgggg	19380
cctgggagag	gtgttccagg	acatgggtcat	cgggcccgtcc	gtcgccgagc	tcattggcgct	19440
caaccgcctg	tcccgggtacc	gcctgttcca	cccgcccccg	gacttcgacc	cgggcagcga	19500
gcgggcccgtg	ttctccgggg	tccgcaactg	gaagacgttc	gccgacggcc	ggcggacgat	19560
cgcgttctgc	atctcgatcg	agcatgcggc	caagacctgc	gaggcggttc	gggcccgtcg	19620
tgtggcggcc	gaggtgctcg	actcgaaact	gtccgacacc	gagcgggtcg	agcggatcgc	19680
ccggttcaag	agcggcgaga	cgatggtgct	cgtctcggtc	atgctgatct	cggagggttt	19740
cgacgtcccc	gactgcgact	gcgtcctgct	gctccgcccc	acgtcgtcgc	tgtcgctcta	19800
cctccagcag	gtcggccggg	gcctccgggt	ctccgggtgag	ccctgcgtca	tcctcgactg	19860
cgtgggcaac	tcgcagcacc	cgaacctggg	cctgccggac	gacttccacc	actggtccct	19920
ggaggggcaag	aaggtccggg	ccggccagga	cggcacggcc	ccaccgctcc	gggtctgccc	19980
gaagtgtctc	caggtccacc	gcccggcgcc	ggtctgcccg	ttctgcgggt	accggcaccc	20040
ggtgcagtcc	gtcgtacccc	gggaggtgga	tgccgtcctc	caggagtcca	ccgccacccc	20100
gatccacacc	gtgcccgaagc	gggaggtcat	ccggaacgcc	cggaccgagg	aggacctgcg	20160
ccggctggcc	caggagcagg	ggtacaaacc	aggctgggta	gacaagatcc	tggccgcccg	20220
taatgcgcgg	cgctagtatg	gttgtagtggc	acagcgcgaa	accatcctcc	aaaactggat	20280
tcgcctggag	gtggcccagg	ccatgggtcc	ccacgtggtc	ctattccgga	accacaatgg	20340
gagcctcccc	gatcctcgga	ccgggggctg	gatcaccttc	ggcctggggg	agggtccccc	20400
cgacctgatc	ggatggcgcg	tcctccagat	cggcgccctc	gccagttcgc	tcggtctcga	20460
ggtcaagctg	cccggggaga	aggcccgcgc	cgagcagcag	acctggatcg	acaacatcaa	20520

cgcgggccggc	ggccttgccg	gtaccgtcac	ttcacccgag	gaggccatcg	ctctcctgtc	20580
cagtcccccc	tatcccttcg	aggtacacca	tgccccccgc	aaccgcagag	gcccccgccc	20640
gcaagacccg	ctcccggaag	cccggcctca	agccagtcct	gctctacatg	cccgaggccc	20700
tcgtcgagcg	cctcgatcgg	gcgaaggacc	aggaccggcg	gacccgttcg	gctgagatct	20760
tccacctgct	cgaggccgcc	ctcgacgccc	gctcgatcgg	ctgatcgaac	cacgggcccc	20820
gtacagttag	aggcccccca	ggattgctcc	cgggggggcct	caacactgca	tgaccgcctg	20880
ccacagcggc	cataccctta	ctccacctca	gacactatag	cagatgtcaa	cccccgccac	20940
agccttcgac	cgggaccaga	tcctcctcca	cctgtcgcct	ctccggaagg	acatcgccac	21000
gacccggtac	cgggcgatct	ggcccaggcg	agaggacaag	gtaaaagcct	ggacgacgcc	21060
cctgaccggg	gccacgggtc	aggacgcctg	caccagggga	ttcaacagct	acatcgtcgt	21120
aggcgacggc	ggcgactccg	acgccgagat	caccagtgtc	aacgccatct	tcggcgagtg	21180
ggacgacggc	gacctggcct	ggcaggtcgg	cgcttgggag	gcctgcggcc	tgccgcggcc	21240
gagcttccag	ctgcgcaccg	ggggcaagtc	gatccaccac	tactgggtgt	tccacagccc	21300
tgtggacgtc	ccggcctgga	ccgagctcca	ggcccgctcg	atcgccctgg	ccggcttcga	21360
cacgacgaac	cggaacccct	cccggtgat	gcgcctggcc	ggctgcccc	accagcgcac	21420
cggggaggtg	gcccagatct	tcaacgcgac	cggggagctc	tacgaccccg	ggcagatgct	21480
gcaggtcctg	cccccggtgc	cgatcgaccc	gccggctgcc	gccccggtgg	ccccgggagg	21540
tgccccagct	tcgatggacg	acatccgggc	cgccctggcc	cagatcccac	cccgctcccg	21600
ggcagggagc	ggcacctacg	ccgagtaccg	caacatcctc	tggggcctgg	ttaaggccgt	21660
cgaggaggcc	ggcggcaccc	gggaccagge	cgtggccatg	atgcaggcgc	acagccccga	21720
gggctgggat	tgcgcccagg	tggcccgcctc	cgggggcaag	aagatcagca	ccgggacggt	21780
ctgggtggcat	gcgatgtcct	acggctgggc	accgccgaag	aaggcccccg	agccgccgcc	21840
ccaggccccg	caggtgccgg	ccgtggccgc	cgtgctccag	gccgcagagg	ccgcccctgg	21900
aaccggcacc	gagcacggcc	cctgggcgcc	gctgcccccg	ggctggcagg	gcacgaacaa	21960
ggagggcctg	cccagggcct	cgcagatcac	cacctacgaa	ctggccctgc	tgatgcaggt	22020
ctccctgcgg	ggggtgctct	ggcacaacga	gatgtcaggc	gaagtcatgc	acggcaagac	22080
ggccctctcg	ccgatcgagc	tccagatcgc	ctacagccgg	ctcgagggcc	tcggctacaa	22140
ggtcaccaag	gagaacgcca	agaccgccat	cctgcaggcg	tcgatcgccg	acctgcggca	22200
ccccgtccgg	gagtacctca	acacctgcac	gacgcccctg	cccgcagagg	tctggggccga	22260
catcgccaac	gccctgctgg	gccccgggca	cagcgcgttc	gactccagcg	ccatccgcaa	22320
gtggctgac	ttcgccgtgg	cccggtctt	ccagcccggc	tgcccccttcg	gcttcatgct	22380
ggtgctggct	ggcgcccagc	agatgcacaa	gacccggttc	tttaacaccc	tggcctcaga	22440
cgagtgggtc	ctgggcggat	tccagcgggg	ccgctctgac	accgacgacc	tgattgccct	22500
gcaccggctc	tggatcacccg	agtgggggga	gctcgacggc	ggcctctcca	agcacgacag	22560
cgccgagctc	aaggcgatga	tcgaccggaa	ggtggacgtg	ctccggaggc	cctacgccgc	22620
cacgcacgaa	agctgcccc	ggagcttcgt	cctctgcggg	acgacgaacc	gccgggatgg	22680
gctcttcacc	gacccgaccg	gcaacaggcg	gtacgtggtc	gtgcccgtca	accagcggat	22740
cgacagcgag	cgcttgagc	agatgcgaga	ccagatctgg	gcaaccgccc	tccgggagta	22800
ccgcagcggc	aagctctggc	acctcgacga	ggaggagctg	gagatcaacg	cgaaacgcaa	22860
caagggcctt	gaggtggagg	acgcctgggt	ggggacgac	cagatgcacc	tgaatagctc	22920
gatcgacctg	gagcggtga	ccgacggggc	ctacggcatc	aacatcgagt	cagtctacct	22980
caagatcgag	cccaggtgg	gacgccgtgg	cccggtcttc	ggaaagcgga	tccgggacac	23040
catgctgagc	ctgggctggg	agcccgctgc	gctgcgtctc	gccagcgacc	cgagcggcaa	23100
cccgttgagg	cgttgggcgc	ccgtccaggg	ggggtagcac	aggggatggc	cggaacgggtg	23160
gcacagggcg	acacagtccg	tgccactgtg	ccgggcccgtg	ccgggggggt	ccgggagggg	23220
ttggcacctc	gaatctgccc	gtcccacggc	ccgattcccc	ctggtgtgct	gttgtgccac	23280
ccccccccta	ggagagagag	aaaaaaaggg	ggtcaggagt	aacagggtga	taccggggaa	23340
ccggggaaac	ggggaaagga	ggagcgacag	cacggcacga	cggcacagac	cccctgcggg	23400
acccccccac	cgggcccgtc	caccccggga	ctcagtcgag	accgggcccc	tcccgcctgt	23460
ctatactggg	gatgacaacg	acgcaatcga	gcgaccatgc	tgttctccga	catgcccga	23520
tgggagggcg	aaacaccccc	ggacctgtct	gacgtagcct	tcatgctctt	ggaaacgctg	23580
aggagcctgg	agttgcgctt	cttttagcgac	cgctgcctg	gcaccacca	gcacgaccgg	23640
atgctggcca	ccgagtacgt	gaatctctgc	cgccatggct	ggacgatctc	caagagtgc	23700
ctggccgacg	cgatggctctg	ggccgaagaa	acgcgggcct	gggagctccg	cctcaaagga	23760
tgacgatcga	agacctgctg	gccaccccc	ccgaggtggc	ccaccccgaa	ctggcggtgt	23820
cgagccttcg	ttgcgcctc	cggttccttg	atccccacga	gatgccgacg	tctctggcct	23880
gcgtcgagca	gcccctggcg	gccaaagggg	acgtgctcgg	caggaaggcc	gtcaaggctc	23940
cctggcaaag	ggcgatccgg	gccgagctcc	tggagcttcg	ccccactcc	aagcggctcg	24000
tcttgaggaa	cctgctccgt	ctgtcgtagc	gtattgtccg	ggggtattgc	gccctgccgt	24060
tcgggatgct	ataatacggt	cagaacacag	gaaaaaccaa	tggccctcgc	ctccttcac	24120
cagaccaccg	acctttccgc	cgccacccaa	ggcctgggtca	ttcgccacct	gcagaccgcg	24180

atctcctgcc	tcacccgcac	cgagatgccc	aagtcggcca	ccgaggtgca	acaggccctg	24240
gccggcgccg	gctacgacgc	caccaccgag	gaagccgccc	agctctggac	cgccgcccgc	24300
accgcccagg	tgcccctggc	ctccaatcgc	accgcgaagg	ccctctaccg	ggccgtcgcc	24360
gtcctgccgg	tcgcctgacc	cgccggccaa	acgagggggg	ccctcccggg	cctccccggt	24420
tatactccgc	ccatgactca	ggtatcgatg	tcacggcggg	accaggtgga	gcacctggta	24480
gagctactgc	gcgaaggcgg	gcagaagtcc	gtcactgcgc	acctgatgac	ggtctgtctg	24540
gacgagttcg	gcattctcggc	gccggaggcc	ttcaagcgga	tccgggacgc	caaggccaaa	24600
ctggccaccg	gcctcgatgc	ggtggaccgg	tccgaggaga	tggctgccac	cctggcccgc	24660
tgggagtcgg	tctttgctgg	ggcgatgcgg	agcgaggact	ggggctccgc	ctgcaaggcc	24720
ctgcagggca	tctgtaacat	gctgggggta	aaaccttgac	gaggcccgat	gcctgccaat	24780
caaatctggg	tgcccgcccc	ctggggcccc	gacctggggc	ggtacgccga	ggacgtggcg	24840
cccgaggcgc	ccccaccgg	caaggccgcc	ggcaaatacca	agagtaaggc	caaggcgaag	24900
cctcgtacgc	tgactccgtc	cgcgaatcag	cccccgatg	gcagcgcaaa	ccccgacccc	24960
gccagtggcg	gagccgacgc	ctgaggcaga	ccccgctgcg	ccagtggcgc	ccagcggcga	25020
cgtcgcccag	cagctgtctg	cggcccttgc	caagctcgac	ctggtcaaac	aggacaagca	25080
gcgcctgggc	cagaccaaca	ccgagctcaa	ccaacgcctg	accgacctgg	agcgccagct	25140
tcgggagcag	accgaggcca	agctcgagga	ccagcagcag	tacaaggccc	tttgggaggc	25200
ggccaagcag	accgtggcga	ccctcgagac	cgaggtggcc	acgctcaaga	cacagatcga	25260
gaccgagaag	gaaggccaac	agcgcgaacg	gctcaagtgc	tccgcccctg	ccgtcttcca	25320
ttctgccggc	gtggtcgctc	cggagcagct	gtacaccatc	cttgggtggcg	gcattccggca	25380
gaccgaatcc	ggcctcgctc	tcttcgaggg	gggagtcgag	cgggacctgg	cccagtacgt	25440
ggccagcctc	aaggcgccca	actccggatt	cgagcaccac	tttgccccc	gcggtgggcg	25500
aggeatgggc	accccggtct	ctgcggcccc	cgtcgggtggc	ggtggcagcg	cagcagagga	25560
cgtctccaac	ccctggacca	aagccggctg	gaaccggacc	gggcaactgg	cgctccaggc	25620
caagaaccca	gagctcgccg	cccagatgaa	ggccgcagcc	ggcgtcacgt	aaaccaccac	25680
ctgagaggcc	accatggctc	aagcagccca	cctgggcaac	ttcggggggt	tcaccacccc	25740
cacccccgtc	ggcatcggtc	cgagcgggtc	ccccaaactg	ggcaccacgt	tcgcaggcga	25800
cctggggggag	ctcgccaacc	gccccgagtt	cggggccgcc	atccgtgagg	aggtgttcaa	25860
cagcttcgcc	tggatcaact	cgggcgcgat	ccagcgcgac	gaacggctcg	acgcccgcaa	25920
ccggggcgcc	tcgatcagcc	tgcccctgat	caacccgttc	atccccacgt	cggagacgat	25980
caagagcaac	agcacctggg	gcgccagcgg	caaaggctac	ctgaccccc	agaagctcaa	26040
cgccgggggac	tggaaaactc	ccatcgtgca	ccgggggcttc	gctgccggcg	ccgacgagct	26100
ctccgagatc	atcacccggca	tcgacccgat	ggcggccctc	gagtcctaca	tcgtcgccgg	26160
ggcccagcgc	ctcgagacgc	aacgggccc	ggccaccatg	gagggcgccc	tccggggccc	26220
cctgtccacc	acccacgtgg	ttgacatcag	ccggaccggc	accggcccga	gcgacgcgga	26280
caacttcctg	agctcttcgg	tgatgctccg	gggtaaggcc	cggctcgggtg	agcggggctc	26340
catgctccag	atcgcgccca	tgcacagcga	tcttgccgcac	tacctggagt	ccgtcgggat	26400
gctgaccttc	agctccgaca	gcctgaccgc	cgggggcgag	atcaagtggg	gcggcgggcg	26460
catcggggtc	acccaggccc	gcgttgccga	catggctggc	ttccgtgtca	tcgtggacga	26520
cctgctcgcc	ccgacgatcg	acgccaccaa	tggggacaag	taccccgctc	acctgatggc	26580
caacggcgcc	atccggcagg	gcattccagc	cgacttcagg	gtgcgctacg	gggagaacat	26640
cctcagcttc	caggaggtgc	tcgcgcgcga	ctggcacggc	tcgatggggg	tcctcgggat	26700
ctcctacgag	tccaacgccc	cggacaaccc	cgaggacgcc	gacctgatcg	atcccagacg	26760
ctgggagctc	gtctacaccg	agccccgcct	ggtgccgatc	gtcaagctgg	tctgcaattc	26820
gccgttcgct	gtcaacccct	gagcccctgg	ggtaggatgg	caaggccacg	ggacgccgtg	26880
gcccccaacg	gtcggccccg	tctcccaccc	cggaggcggg	gccttcctat	gttggggcg	26940
tgctgtgcc	cccgatggag	ctcctccccg	ttgacctggc	cgacgccgac	gcctacatgg	27000
ctctggggcg	ccggggcccc	ctctggctgg	ccgtcgggga	cgaagccgcc	cggcagggtg	27060
ccctgaccga	ggcgttcgcg	tggtccaga	cgtgccgat	ccgggaccgc	ccgacggacg	27120
cctgcgccag	gccattcgac	gagtgtctgg	tgacggcaaa	cgccgaggtg	gccctggccc	27180
tacaccgcga	ttctgcagcc	gtggtccccg	ccggcagcca	ggccggggcc	gtggccaaga	27240
gtcaggccct	gggcgcacct	cagcagtcgt	tcttctcgat	ggccgagtgg	aagaccgcgt	27300
acgacaaaa	cgaccacccc	ctgctgcggg	ccttcccctg	gatctactcg	atcctgggat	27360
gctggctgcc	gagcaagtcc	aaagtcctgc	accgggtccg	cagctgagta	gcctggcggt	27420
atggacgtta	ccgccacctt	cctgcctgtc	gcggcccagc	tgatcgacag	gaccttccc	27480
acgccgatcc	tgtaccggcg	ggcccagacc	gagtcctacg	acccggccac	gggggtgctc	27540
acccgggacg	tcgtcgagta	cccgatcaat	gccggggtgc	tgggctatcg	caagagcgag	27600
cggagcggcg	ccgaggaggc	ccgggaggtg	cggctctgga	tccaccatgg	gcccgggggc	27660
ctcccggacg	aaccaaccac	cggggacacc	gtcgcctacg	acggcgggat	ctggcgcgtc	27720
acagaagccg	acccaccta	caccagccag	ggcctgatcg	ccagccaact	cgtttgtgag	27780
taccagtatg	ccgacgttta	acgatcccga	ggcgctcaag	aagcacctgt	ccgaggccct	27840

gggcgcccag	ctgcgccctca	ccgtcggtcca	ggcccaggcc	gaccttggga	gcgcccagct	27900
gagccccgtc	gacaccggcc	ggttccgctc	ctcctgggtc	gccagcaaga	gccggcccctc	27960
gagcgaggtg	gccccggagg	gcgccagcac	cccgcaatcc	gacgccgagg	ccctgcgcct	28020
ggtggccggc	gacgaggtgc	acctgaccaa	cagtctgccc	tacgctgaag	ccgtcgctgt	28080
cgaaggccga	gtcgtgtcga	agcccggccac	ctgggtcccg	tccttccgtg	aggcccgggt	28140
gcccaggatc	caggacgccg	ccggcaagct	catcaagaag	cagtacgacc	tgtgatgtcc	28200
ttcgccccca	tcgcgcccat	cctcgagggc	gacgtcgccg	ccgcagtgga	cccggtgtca	28260
gtcgtcttcg	acaacacctt	cgagacgccc	ccgagcctgc	cctacgtccg	gttcaccgtc	28320
agctttgacg	ccccgacgtc	ggacgccatc	ggcggcggca	tggcctccca	cgtgaccggg	28380
gtggtgcagg	ccaacgtcta	cgtggccaag	atgacaggca	gcctgggcgg	ggagctcctg	28440
gcggccaaga	tcctggacgc	ctggcaggac	ctggccgctg	cagccgtcgt	gccccccggg	28500
tggcgcgctc	tgccccgttc	cctggagggg	ccgcagaccc	tggccccgga	taagcgggag	28560
gcccacgtcg	tggtcgtcgg	ggcgcgcttc	tcggcgacgc	tctacgagac	gccctaactc	28620
gggacgacgt	cacccttagg	cccagatgc	ccgtcacctg	ctcgaaaacc	ctcctgtcgg	28680
ggatcgacgg	gtcggccgcg	ttcatccccg	ccgctacccg	gcactgcctg	ctcgacaaca	28740
ccgatttccc	ggctggtacc	gagatcacgg	tcccggccga	ccacgactac	ctggtgggtg	28800
atcccgtcac	gttcgaggcc	cagggcaccc	ccgtcctgga	taccgccctg	accgagggca	28860
ccacctacta	cgtggtcacc	gaggcccacg	gcgccagccc	ccacatcgag	gtgtccgcca	28920
ccgcaggggg	cgccccgatc	accctgaacg	gtgacggcgg	caccggtacc	gccaactccg	28980
gggccccggc	ccagaaccac	atcaagatcc	agttcgctgc	ccacatggcc	ctctgccagg	29040
tccagggctg	gaactgcaac	ctcagccggg	aggaggtcat	gaccacgagc	ctgcagtgcg	29100
ggccgacgac	cgacaacggc	gccaatgccc	cgttcatgac	ccgccaggcc	ggctacgtcg	29160
acggctccgg	ctcgatggtg	gtccgcttca	cccgggacca	ggagtcgctg	tctcgccgcc	29220
tcctccgcaa	cagcctccgg	aagaaccagg	acggcgccct	ggtgcagctg	ttcgtcgaca	29280
cgggtctacg	ccccagcggc	accatcgacc	tggccggctc	cgagttcatc	gagggcccgg	29340
tgtcgatcct	gggcttcgcc	ctgggcgtaa	ccaccgggtc	ggagcccacc	cagggcaccc	29400
tcaacttcag	tttcagcgac	cagcccacca	acatcttcgg	agccctctga	cgacatgcga	29460
gcgatcgacc	tgetcaaggc	agaatccaac	ctccagacgc	tcaagcggca	cctgateacc	29520
ttccgggtcc	gtgccacgct	cgagatgtac	accaccccgg	tcaccctggc	cgagcgtcgc	29580
caggccgccc	agaacgccaa	gagcgacgag	cagctggagg	tcaacctcgg	cctgctgac	29640
ctcaaggcga	aggacgccaa	cggccagccc	ctgttcgccc	ccggcgacct	ggcccagctg	29700
cgccgggtcc	tcagcgccga	gtacgtggcc	gacctgggtc	acgcgctcta	ctcgacgcct	29760
gccctggacg	agggcgaggc	ctccgaccca	aagccctcct	cgcccagttc	cggcaagaca	29820
aacagctcca	gttcgaactg	agcctggcct	ccgagctcgg	gatgacctgg	ggccagatgc	29880
agcaggacat	gaccgaggcc	gagctcgccc	tctggcagg	ccgggcccgc	tacctggagg	29940
aggagcgct	caggtctccg	gtctgacctg	ggcaggcggc	tgcgaataga	cttcgatcag	30000
cggctggggc	gttgtcttga	caagcacccc	acaggccgtg	aggatcagca	ccgtcgccac	30060
cagttcacac	gcggttaagg	tcctcatgcc	cgcaccgtag	ctaagctgcc	ggcatgagca	30120
ccgcctacca	ggtcgatctc	gtctttggca	cccgccaggc	ggacacgcag	cttgcccggga	30180
tggagcagcg	gtcctcgggc	ctggaacggg	ccggcgggac	cgccgggggg	cgcgatgtgt	30240
tcggggccaat	gggcaacagc	gcccaggccg	ccaccggcaa	gatcgacatg	ctcgtggggg	30300
gcctccgggc	attcgccgcc	ctgggtgtgg	tcgccaccgc	cggggccatg	gctaactcga	30360
tcctgcagat	ggggatgcag	gccgagaaca	ccgaggtgcg	ggtccggggg	ctcactgccg	30420
gcctggacga	ctacgcccgg	ttccaggagg	tggcccagga	ggccgcagcc	aagttcggcc	30480
tctcgcagca	ggcggcccag	gccggcctcg	cgcagacctc	cgcccgaact	cgccccctgg	30540
gcttcaccct	gtccgaggtg	cgggacgtct	acgagggctt	caacacggcg	gcccggaaac	30600
gcggctcgac	ggcccaggag	agcgaggggc	ccttccggca	gctggcccag	gccctgggct	30660
ccggggcgct	ccggggcgac	gagttcaact	cgatcatgga	gcagacgccg	gcatcgga	30720
tcgaggtggc	ccgggtcatg	ggcatcaacg	ccgggcagct	gcgcgagatg	gcggccgagg	30780
gcaagctcac	cggggacatc	gtcctcaagg	ccctgcagaa	catccgcacc	gagggggccg	30840
acaagctgga	cgcctctctg	aacacgacca	gcgccaacgt	cgagaagctg	aaaaaccggt	30900
tcacgcacat	ggggacggtc	gtggggctct	gcgtcatgcc	accgatcctc	cggacgctcc	30960
aggccctaaa	cctgctgctc	gaccaggcca	ccaagaatgc	cgacggcctg	ggcttcgccc	31020
tgcagcaggc	catgggtatc	gccggggggc	tcccggtaaa	cctgggcata	ggcatcgga	31080
acgtcgccgg	tcgcatcccc	gggggcccgc	aggcgatcca	gggtatcggc	agcatgctcg	31140
gctaccagcc	cgagaaaacg	accttcggcc	cgttcatgcc	agaaggcctc	gagcagcgca	31200
gccgtgccca	ggagcaggcc	cgcacccgga	gggagaagga	ggccaaggac	gctgctacga	31260
agagccgcag	ccgtggcggt	ggctcgagcg	gccccgactt	ccccgcctac	atcacagcga	31320
accagatgcg	ggactggctc	cggagccagg	ggtaocgagc	gacgagcggg	gacttcacca	31380
acaaggggca	ccggacgccc	aaccacatgc	ttaacgccat	cgacatcggc	gagctcgatg	31440
gctcgtatgc	cttcgcccgtc	cagcggggcta	aggcgctcga	ggcccgcctg	agggcgaccg	31500

gggcgttcgg	caaccagctg	ttcggcccga	ctcgggaccc	ccggggggcac	aaggaccacg	31560
tgcacatccc	cacccccggc	ggccggatcc	gggtcacccc	ggggctggcc	cagctgatgg	31620
ggctcaacgg	caagggcagc	ggcgggatgg	cgatgcaggg	ggccgagtgg	gcaaacgagg	31680
ccgcagagaa	agaggccgag	cgccagcaga	agcgggagga	cggtctgcgc	acgagcggcc	31740
gggccctggc	cctggccccag	gccgagctca	agatcgccca	ggccagcacc	gacgagcagc	31800
ggatccaggc	caccgcagac	aaagaccgga	tggaccgaat	gtacgagttc	gccgacctgt	31860
acagggatgc	cgtcaccgag	gaggagcggg	ccaacatcgc	caaggcccag	ggagtcgaga	31920
tccagcgcca	gcaggtggag	ctcgccaagt	ccctggggga	cgccctggta	gaggtggccc	31980
ggaagcagga	ggcggccatg	cgcccccggc	tcgacaacat	cgagcggctc	gaggccaccc	32040
tccggggggc	cgacgcggtg	cggggccctg	agcgccggaa	cgccgtgggc	gagatgtcgg	32100
ccgccggggg	gggcccggcc	agggccggcg	agctctacga	ccgggagcag	gccctcgacc	32160
gtcaggtgga	gcggcaacgc	gagctcaatg	ccctttggga	ggaggggggc	cgcaccctgg	32220
gcgggctgtt	ctccgacctg	gtcaagggca	ccgacgactg	gcaggccagc	ctcacccggg	32280
cgctcgaatc	gctggcgctc	gtgctgctgc	aggcgggccc	ccggggcatc	gccgagaaca	32340
accagggcgg	gttcctgggc	ggtctgctca	gccaggtgat	gggttcgttc	gacggggggc	32400
gctacaccgg	ctccggatcc	cgcaccgggg	gcctcgacgg	caagggcgga	ttcgccgcga	32460
tcctacaccc	gaacgagact	gtcgtcgatc	acacccgggg	gcaggcggcc	ggcggcggca	32520
tgggtcaacgt	cggcgggatc	acgggtcaac	tcgccagtga	cgggaccacc	gaggtagacg	32580
ccgccggggg	cggggagctc	gcccgtgggg	tccaggcggc	ggtgacggcc	gagatcctgc	32640
gccagatgcg	cccgggaggc	gtcctggctg	ccggccagcg	gggtgatgc	ccccggggaa	32700
ggagaggccc	ctccccgggg	ctccccgggt	tcaccggggc	agcatctgac	ggacccggta	32760
ccgggtgacg	cccaggcggg	cggcgatctt	ggcctggctg	accccgagc	ggtgccagcg	32820
gcgggcccgg	tcggtcgggg	tctcgggtgac	ccagagaatg	acgccaacga	agacggcgac	32880
gatcgtgacc	aggatgcaga	ggatggtgtt	catcggagga	aatgctgtgg	gaagagcggc	32940
gggagcatcc	atgctcgacc	gccgatttac	ccagtatagc	atacagaagc	ggctaccgtg	33000
ggggcatgcc	ggtcagctgt	aacagtcaga	tcgacctggg	caccctccgg	gtgcaggtca	33060
ccgctacggg	gcagacgtcc	cagcgcaccc	ttgcgggtgca	gttcggggac	gggtaccggg	33120
agcgacgccc	cgatggcatc	aacaccgagg	tgcggcgctg	gtcgggtctc	accccgccca	33180
tgggcatcgc	ggacgtcctg	gagctcgagg	atgcgctccg	ggccctgggc	accggggcgt	33240
tcgcatgggc	gccccccggc	gaggacgaca	tggtgctctg	ggagctcgac	ccggtcgagt	33300
ggacccgcac	ctaccaggcc	gaccacctgg	cgagcctgtc	gtttgccctg	cgctcggcca	33360
acccatgagc	ccggtcccca	tcccagacat	cgagcagctg	gcgggactcc	aggacctgga	33420
tgccgtgac	gacctgttca	tcctcgacct	gtcgatcttc	gatccgggca	gggcggcccta	33480
ccggttctgc	aactggagcc	agagcggcgg	ggtcggcctg	ttctacgacg	gcgaggagta	33540
cgagccgatg	ccggtcgagt	gtaccggcct	ccagatcaac	agcaacagcg	caccgagcga	33600
gccccagatg	cgggtctcca	acgtcggcct	gacctggacc	ggcctggtca	acgcctggga	33660
tgacctggtg	ggggcggaagc	tgatccggcg	gcgggtcctg	cgccgggtacc	tcgacgacgg	33720
ggccacgccc	agcccgacag	gccactggcc	ggacgagccg	tggttcacatg	agcgcaaggt	33780
cgccgagagc	aagctgaccg	tcacgttcgc	cctgtcgaca	gcgttcgccc	tggacgacgt	33840
ccggctgccc	aagcgccctg	ccctgcgcca	cacctgcagc	tggacctacc	ggggcgaggg	33900
atgcggctac	accgggtacc	ccgtggccga	cgcccggaat	cagccccctgc	ccccacccat	33960
ggacccggcg	ctccaagcgt	tctacgacgc	ggtggccctg	ttccggggccc	agacccccgt	34020
cgteccaggcg	gccgaggctg	cagtggccat	tcaagagaac	gcctacaaca	acagcatcga	34080
ggacagctgg	tcccgccctga	cgacggggta	caaccgcaac	ttcccctaca	gcttcgtctt	34140
cacgtacccg	accggctcgc	tccaggcgct	gttcggcgctc	aacctgatct	actccggggg	34200
cgtectgate	ccgccttga	accagacctg	gcggaggggc	gccatccggg	cccaaaactt	34260
cgacggctcg	gcctactacg	agatcgagca	gtggcagttc	aatccgggca	accgggcgac	34320
cgccctggcg	aacctcaact	ctgcccggtc	ggccctggcg	gctgcccggg	ccgtgctcga	34380
gtcgaggcgg	gccacggccc	tgtecgctcaa	ggcggcgggc	gacgccatcc	gggacccccg	34440
ggaccagtgc	agtaagacga	tcgcgggctg	ccgcctccgg	ttcttcgata	cgctgacggg	34500
cgctacattg	ccgttgccaa	catcggcctt	tccagggctc	cagatcgggt	gacccctacc	34560
gcactacaga	agaacgacat	coggatgttc	agccgagggt	gcctcgtcca	ggaggcctgt	34620
ggcttcgtcc	tgggcgacgg	ccgggtggtc	cggtgcctca	acacccaccc	cgagccggag	34680
aacgctttcc	agatcgaccc	ggaggcctac	gcccgggcag	acggggagca	tggggtcacc	34740
gccgtctggc	acagccacgc	ccggctcgat	gggttcagcc	cggaggacca	ggccgccatc	34800
cgggcccagc	gcgagctccc	ctggatcgtc	tactgcctgc	gcaccgacga	gtttcacgtc	34860
gtggaccccc	tagaccacgg	gcccctggtc	gggcgctcgt	tctgctacgg	catcctcgac	34920
tgctacagcc	tgggtcgggga	cgccctggag	gagcgccatg	gggtggcctt	ccagagtggt	34980
caccggggca	actggggcga	gtggggggcg	cccgaactca	ccgtgttcga	catgcaggcc	35040
agcgagttct	gtcggcgggg	aggccggggg	cggctgctgc	ccggggacat	cgctctcatg	35100
ggcaaggacc	acacctcgca	catcggggatc	ctcgaggaca	gcgaccgcat	gctccaccac	35160

ctggccggca	ggcggagccg	ggtcgagtac	tacggcgagt	ggtggcagge	ccggacccgt	35220
tcgatctggc	ggccggcggg	atgccagccc	aggtgggcag	ccgtaggata	gggccacagt	35280
cgcgaggcgc	tgcgcccattg	tcgataccca	acgacgagct	ccacacccgg	ttcacctacc	35340
accccgtaa	ggaggggcag	acggaagtct	accagcagat	ccggcacaag	gcccgggagc	35400
tcgcccagct	catgctccac	ctgggtgccc	aggggcggga	gcagtcgact	gccctgacca	35460
aggtcgagga	ggcctgcttc	tgggccaatg	ccggcgctgc	ccgcccacc	tgagcagatg	35520
aaccagcgct	acgtcacgat	caagctcctg	ggcgcttcg	gccgagagtt	cggccgcctc	35580
caccggcttg	tcgttgagac	gccggccgag	gcggtccggg	ccctctgcac	cctgtaccgc	35640
gccttcgggc	cccgggtgat	cgagcaggcc	gggcggggca	tcgggtggcg	gatcgtgacg	35700
gacgatcccc	ggggcctgga	cgaggaccgg	gcccaggcgg	gcacccccgg	gcagacgctg	35760
gtgtttgccc	cgatcctgac	cggccgtggc	ggcttcgggc	ggatcctggc	cggcgctcgc	35820
tttatcgccc	tgggcgcgtt	caccgggggc	atcggcttcc	tgggcctgtc	gtcctcgagc	35880
ctgctgctga	ccggcggtgc	cctggtgctg	gggggcgtcg	ctggcctcct	caccaggacg	35940
ccccgggcgc	cggtcgatgc	cgacaccaag	cagctggagt	cgagcctcta	cagcaacgcc	36000
gccggcacgg	ggggccaggg	gagcccggtc	ccggtgatct	acggcctccg	gcgggtcgag	36060
aaccgcctcg	tgatcagctt	ctccttgggc	aacctgccga	tcagccgccc	gatcaacgtg	36120
agcggctccc	ggggtctcct	gggcctcggt	gcggggcagt	tcgtatgaag	ctcatctctg	36180
gagccggcgg	catcggcggc	ggcgggacca	agaagccccg	ggcgcccatc	accagcccgg	36240
acagcgcctt	cctgcgctcg	atcagcttcg	cccagatgca	gttcctcctg	tgcgaggggc	36300
cgatctgggg	gccgaaggag	gggcgcagct	ggggcggcct	cctggccagc	acctacctgg	36360
acgacacccc	gctgtccgtc	cggggcctgg	gcggcacggg	gcccgtagaa	gacctggtgc	36420
tgagctacgg	caccttcgac	cagacggcgg	tcccggggta	cggggtccag	tggaacacca	36480
tcggggtcgg	ccagtcgctc	aaggcatcgt	tcccgggtgt	cgccacggcg	atgccacgcg	36540
acccgaccac	ccagcaccgg	gcccgggtgg	tcctcacctg	ggaggcgctg	ctcgtcgcgt	36600
tcaagcagac	gggcgacgtc	gtcgaggccc	aggtgccgta	cctgatcgac	tacaccgacg	36660
ccaacggggg	cgtccgactc	gtgttcgccc	gcttcacctt	cggcaagttc	agcgggcccgt	36720
tccagcggga	gcacgaatgg	gacctggccg	gcccggggcc	ctgggtggtc	cgggtcatgc	36780
ggatggccgc	agacgacgac	gccctcgaaa	cgccgatcgc	gtcgttcgcg	tcggcgttca	36840
gcttcacgaa	tctcagcttt	ggcccgggtg	tgtctctggg	gcgcgcgtac	agtgccacgc	36900
tcacctgggc	cgcccggggc	gaccggtact	ccaacctgcc	ggcggtcgcg	atcgacctgt	36960
acggcaagat	ctgcaaggta	cccacgaact	acgaacccctg	ggccggcacc	tacagcgggg	37020
tgtgggacgg	gagcttcaag	gaggactgga	ccgacaaccc	cgcctggtgc	ttctacgaca	37080
tggtgacgaa	ccccaggtag	ggcctggggc	agtcgatcga	tccggtgctg	atcgacaagt	37140
ggctccctcta	ttccatcggc	cagtactgcg	acggcctggg	gcccgcgcgc	ggcggggggc	37200
tgagcggcg	gtttcggtgc	aacctgatcc	tggccgccc	gaacgacgcc	tggttggtcc	37260
tccagcagct	ggcgtcgatc	ttccgggggc	agatcttttg	gagtgccggc	ctggtggtca	37320
gcacccagga	cgcccccggg	gacttcctgt	acacgttcaa	cccatccaac	gtcgagcaga	37380
ccgtcgacga	ctctggcgcg	gtcgtccagc	cctgcttcga	gtatgagggc	acggccaaac	37440
gcacccggca	caccgtctgt	ctggtctcct	gggacgaccc	ggccaacgcc	taccagcccc	37500
gggtggagta	catcgcgga	agcgatgccc	tggcccgcc	tggctaccgg	ccgctggagc	37560
tccggctcaa	cggcatcacc	acccgggggc	aggccctgcg	gacggcccag	tgggcgctcc	37620
tgctcgaggc	gatcctggac	gacacggtga	cgttcaagg	gggcgcctac	ggcatggccc	37680
tgccgcctgg	ggatcttgct	aaggatcatg	acccggacaa	gggcgggggtc	cgcttcggcg	37740
gtcgggtggt	tgcccaggac	ggcgacacga	tcacgctcga	cgcggcaccc	ccgacacccc	37800
tcgcccggctg	ggcgggaggg	ctgttctatt	ggcagtcggg	ggccggggcta	ccccgggtca	37860
acgtggcggg	ggtctccggg	gcgctcgtga	cggctctccg	ctggggcgac	gacagccggc	37920
ccacccccgg	catgccctgg	ctgctggagg	tgcccaacct	ggaggcccag	ccgttccgca	37980
tctgggtat	cgaggagctc	ggccagaacc	ggtacgccgt	cacggccctg	cgctaccggt	38040
ccgacatcta	cgaccgggtg	gacttcgata	ccccgctctc	ggacgacgag	gactacctgt	38100
tcaagctgct	ggaccgcgtg	cccccgacga	tcctgaatgc	ccagatcgct	tgggacaaca	38160
gccaggccaa	gctcgaggtc	aactggcgcc	cccaagaccg	ggtatctcgt	gatggcggtt	38220
tcgacctgtc	cacctcctac	caccggctcc	agtaccagcg	gggcgaggtc	ggggtggtgc	38280
gggagggtcac	ctggaccaat	cagtgggcgg	aggtagaccg	acagaccgac	accaccgaga	38340
cgatccccct	ggtggggtag	caggcgacga	cccggtagaa	ggtccggatg	gcgtcggtgg	38400
gcaaagccgg	cgccgagtcg	ctctggtcgg	cggagcttga	ggccacgccg	ctcgagggtg	38460
ggttccctat	ccccgacttc	gagtcgatcg	tcccgacccc	cggggcgag	accggcccgg	38520
ctggcgctcct	gtcgcacacg	aacctggcca	ctggcgggcca	cctctggacc	tggaagatct	38580
tcacccagggt	gccgccttac	gcccgcctcga	tcgagggtgtg	ggggcgggcc	gtcgggggtg	38640
cactgcccga	cggcgctcacc	accgacgagg	acggctacat	ccttttgggc	accgctgccc	38700
cgaatgccgg	cgtcgaggcc	ctgctgcccg	tggcagctac	ctgggacgtg	cgggcccggc	38760
tgaccacgtt	tgtgcccggc	ctggaggggc	ggtcgttcat	gctcgacatg	gtggaccgcc	38820

tggagatcgt	cccccccacc	cccaccgagt	tccgcctggt	caccgagcag	gacggccaga	38880
gccggatggg	cagccgccgg	ttctcttggc	tcatgccgga	cccgccaccg	ttcgccgagc	38940
gctggggcgg	cggcctggtg	agcgacatcg	ccggtttcga	ggtgcgctac	cggagcggcg	39000
tcgatgtggg	ctgggagggc	gctttccccc	tgctgtccga	cggcgtcccc	ggggacacct	39060
tctggttcga	gacccacctg	atggactacg	ggaccttcac	ggtcatgctc	cgggcccggg	39120
accggaccgg	gtgggtctcc	gatgagatgg	cggtcgtgac	ggtgggcata	ggccagcccc	39180
tgcccaccaa	cgtccttacg	ctgctcgacc	tgctcgtgga	gggctggcct	ggagatctgg	39240
caaacggcac	cgtggtcggc	tcgactagcc	cgctgttcta	cttccccacc	accaccgagg	39300
acctgtacga	ggcgcccctg	gaggaggcga	tctacagcgg	ccggagcggc	ggtgagctcg	39360
tccagaacga	cccggcccag	cccatggtct	accggggcct	gctggagggtg	gaggtagacg	39420
gcagcgccct	gctgatctac	acagaatccg	acaccgggtc	gtaccgctgg	cggcttgagg	39480
acatcagcac	ggtcggcctg	gggctccggt	acgtcgcccc	gacgaccgac	ccgatgtacg	39540
acgtcgccga	ggaggcgcca	ttccacctgg	gcgagttcct	gagcggcggg	gcggggctcc	39600
accctacgc	ccccaccag	aagctgaccg	ccggcctgtg	gcagatcagc	ctcgaggcca	39660
tcgccagcac	taccaacgtg	cccggcccga	tccaggacgt	cgatgtggtc	ctcgacgtgc	39720
ccgacgtcgt	ctggacgata	gaggactacg	aggccggtgt	gggcgtcaca	tcggtcccgc	39780
tgccaccggg	gctgttccgc	cgggtcaagg	cggtttcgat	ggcgggtgcag	gacgacaccg	39840
tggccgccgg	ggtggccgtc	ggggggcgca	tcgtctacaa	gggcaccgac	cggatcgacc	39900
tgccgacggt	ggacgcctcc	ggggccgaca	cggcggccct	ggtggacctg	atcgtggtcg	39960
gctactagtc	gctacagtgc	tggcatgacc	aacctgccga	tcgggggcga	aaccgacagc	40020
ctcgacaacc	tggctgtcac	ccgggaggag	ttccgggtcg	gcacggcca	gctgctggag	40080
tacctggccc	aggccctggg	tggggtggac	accacctacg	aggatcagcc	cgtcgatccg	40140
accgcagtcg	tcctacaggg	cgagccggtg	ctcgacatcg	acgcggtgcc	ggaggcggcc	40200
gacgacagcc	tgccgggtgcc	ctcgacgtcc	tgggtacaag	acgagatcgc	gggcctcctc	40260
gacgactacg	tggccaagac	cggcggcgtc	atgaccggcg	acctgcgggt	gcccagcctc	40320
aacggtgggg	cgtctggccg	actgcgcaac	atgctgatca	acggcgattt	ccgcacgcac	40380
cagcgggaaca	ctggggggcg	ctatggcctg	acggccgggg	cagctttcat	ctacggtgcc	40440
gaccgctggc	tcggcttctg	cagtggggcc	aacgtctcgg	cgcaacgcac	cacggtggcg	40500
ggcaccacag	ttgaccccaa	ccgtatgcag	ttcaacgggg	cagcgagcgt	caactgccatc	40560
ggcatcgggc	agcgcatatga	ggcgggccagc	agccgccacc	tggcgggcag	gcaggcgacg	40620
ctctcggcca	acttcagcaa	cagcctcctc	accactgttt	cgtgggaggc	gttctacgca	40680
aacagtagcg	acagcttcgg	cacccgggcc	tcccctaccc	ggacgtcttt	cgccctccggc	40740
accttcgcag	ttacaagctc	ctacacgcgg	tacagcgcca	ccttcgatgt	gccggcgggc	40800
gcaacgactg	gcacgagat	cgttttcaca	gtcggggcg	agacgtccgg	cacctgggtg	40860
gtcggtcagg	cgcagttgga	agaggggggtc	caggtaaccc	ccttcgagcg	gcgaccgctt	40920
gggctggaaa	cagccctttg	ccagcgctac	ttcacgttct	ttccgggtcaa	cgtcaggggcg	40980
gcggcccccag	gggctggggc	cctctacgct	cacagcgtea	gcttcccaca	gcggatgcgg	41040
gccaatccga	cgtctgggctc	aatcgtgccc	gatccggaag	gccctggggc	gcttaacttg	41100
aacggcgccg	gcacacccgt	cacggggcgcg	accacctacg	gggtcctggt	gcagatgggtg	41160
gtcaactccc	ccggggcgga	ctcctactac	ctgcacttca	gagcctccgc	caccgccgaa	41220
ctatgagcta	ccgtctgacc	gattccagca	gcgtcgtccg	tctcgccgac	ggcgccacca	41280
tccccgccga	cccccgcaac	accgaccggc	aggaatacga	ggcatggctg	gccgcccggga	41340
acgtcccggga	gcctgccccg	gcaccggggg	cgcccccgct	cgccctgggc	gattgggggg	41400
ccttcctgga	gctcgtgate	gccgccccgg	tctaccagac	gatctacgcc	cagtcggcg	41460
agtcgctgcc	ggtgaatacc	gccttcaccg	ccatctcggg	ggccctgggtg	ttggggcgccg	41520
ggggggcgccc	caacctggcc	ggcctacagt	cgggtgttga	ccagctgctg	caggctgcgg	41580
tcctgaccgc	cgaagacctg	gaccagctgc	gcgacatcgc	cgagcagacc	ggcatcccc	41640
tgagatccc	cacccccacc	ccgcaatgac	gctccaatcc	ctggtccaac	agatcagccc	41700
gctccccgcc	ccgaccggtg	ccgatgtcgg	cagcctcgac	cccctggggc	tggtcttcct	41760
ggtgctgttc	gccctcgacg	agctcctgcc	cttcctgggt	ggccgggttca	agcggttcaa	41820
cggcgtcctg	cagtcgttca	cccagctggt	cgccatggcc	cgccccctgc	gccgcgagga	41880
cgagcagatc	gaggccatcc	gtaaggacct	ggagtccctg	cgcgaccaga	tctccaagct	41940
ggggcgctga	gcgatgacgc	ggccgatgtc	tcaaagccgg	ttcctcgacc	ggttccgggt	42000
cttcgagggg	gagccccacc	aggtctccgg	tgctcgtatg	ctgtttgacg	ccatctccca	42060
gggggtgccc	gccgagcagg	tgctcgacga	ggacgcccc	tggggcccgc	gctacagcca	42120
gccaacacc	tcgaaatcgg	tggatcgggc	cctgcccctg	atccagctgt	tcgagggggcg	42180
cgagctcaag	gcctatcccg	accccggcac	caaggggcgat	ccctggacga	tcggctgggg	42240
cagcaccgcg	atgcccgacg	gccggccggt	ccgcaagggc	gacacgggtca	ccgcagcgca	42300
ggccgaccag	atgctgcgca	cctgggtcga	gcaggacgag	gcggccctgg	ccaaggccat	42360
ccccaactgg	gccaagctca	ccaccgacca	gcaggccgcc	ctcctgtcgt	tcacctacaa	42420
cgcaggccgg	gactggtagc	ggccctccaa	cggctacgcc	accctgtcgg	ccaagctcgc	42480


```

cgagggcaag ctctcggagg tgccccgggc gatgctcctg tacgtcaacc ccggcagcga 42540
cgtcgaggag gggctccgga accgccggat ggccgagggc gacctgtggg gccggccgcc 42600
ccaggcccag aagcccagac tcctcctgac ccgcacccgg cagatcgacg gccggggcct 42660
cgagctcctg cgcctccagc ggatgcacgg cagcgtctcc aagggcgatc tcctgaccgt 42720
cagcggccag gcccggaacc aggtcttccg caccggggcc agcagcaaga gcggcagcat 42780
ggagccgata ccggaggggc tctggcgcgt cgagaacatc gcctggggccg gcggcaaaga 42840
caactataac gccagctggg gcgagggcct gggccccgcg tcggtgccgc tcacctggct 42900
tggccctggc aagaccggac gctcggccat cgaagctcac ctggacagta accaaaacgt 42960
gttccccggg acggccggct gcatcggctt ccggtccctg gccgatctcc agacgttcat 43020
cggctggctg cgggcagatg atcctcggga gctcactgtc gattggggcc tgggtaccgt 43080
gccaagcgc ccctaacgac cccgcccatt cgtgaataga ccggcctggg tctccgccat 43140
cctgctgacc atgctggcgg ccctgatgac ggcgcacatc ctcgttatcc acgtcgatgt 43200
cgccagctgt cagagccaca agcggtaact actcgagcag cgcgcacccg gcagcctgcc 43260
ccaggagctc cggaacgtgc ccgacctggg ggagggcgaa tgcgccgacc tggagggcaa 43320
gtttcggagc gtcgtggacc agtgggtgtc ggtgatcttg agtctgctcg gtggcgcggg 43380
ggtcggccgc gccatgggca aaccgccgac ggatcagccg gggcgttgac ccagatgct 43440
caccagggca gccatcaggc cgagagacag tacgagcgag gcgaagacca tgggactagc 43500
ggcgggatcg taggacatgc gcgagccaga gagcggcgaa ggtgccgcct cccagtgga 43560
accagccat cgggccccat gccaagcagc ttaacaggaa cacacacaac accaggacgg 43620
aggtggcagg atccttaagc gtgtcacgca ggtgcatccg ccgcctccag ggggtccgcg 43680
tcgttgacgg ccaggagcag caggtcctcg acgtcgtctg tgggtgtgcc gtccactgg 43740
ggggcgttcg agagctcgac agccccggcg gccttgaggt gggggatgta ccggacgggc 43800
aggtggtagg tgatcgggcc attggggagc tctagcccgg cgaccacctg gttcgggtac 43860
atctctgggc cggccagatg gtgcttccgg ctccaccagg gctgggcctg gaccggggcc 43920
cacttgatga gcaggaggaa cagggcgtag cgatgggcgt agagctcccg gaacgtgtgg 43980
tgcccgtcgc tgggtgtcggg gcgggtcgtc tggagcaggg ctttgcgggg ggtggtcatc 44040
gggcggtaac gaggagggag gcggtttgga tggcgtcgga gggcgtgtag cctttgtcct 44100
ggagatgggc ggccacgctc agcgtaaagat tgagacggta ggcaagctcc gggggcagcc 44160
ctggggacgg cccgggctct tccggctcgc cgggcccgtg tcgcgccccg gcgctgcagg 44220
aatggcaggc tgccgtcgag gtgctggacg aaataggtgg ctgcctgctt gggcgagcag 44280
cctacggcgc gctcagggcg cagatcctcc caggcgcatt ggagggcggt ttcgaggccc 44340
agcatctggg cgggtggtgaa atggggggcag tcaggcatgg gaggcggagc ggtgggatga 44400
gagccggcga cggatgcgcc gggcgcagag gagggccgca gcgagggccc gggccgcagc 44460
gggccccggg acgcccggga ggtggcctcc attgggcggc tggggcgctg ggccgtccgg 44520
caggcccagg ggccactccg ggggcgcggg gggcgcacat gagcccctcc aggtggacat 44580
ggccgtggcc gggggcagcc agccccgggg ggcaccgccc caggacgggc cggtcacccg 44640
gaagccgacc ggggccccgc gccacgacgg caccgggatg aagccgaccg gggccccgcg 44700
ccaggggccc ccggaggggg tgccgcagag gggcggtcgc taggccctgg gcggggtctg 44760
ccagaccgcc gggctgtcgg gccgctgccc acgccagccg gggcgccccg ggtcggggat 44820
gaagccgtca ggtggggcgt cggcccagge cgcagccggc accagggcca gcaggagcag 44880
caggagcctc atgcggcctc ctgtatggcg gcgtagatct cccggaggcg gtcgccggtc 44940
tggcggatct gctccggggg gcaggggacg acgtcgagge ggacggcccc ggtctccgag 45000
cagacgtagg gcatgtgcgg ctcgaggctt cgggcccggg cgagggggcg tcgttcaactg 45060
gggcaccccc tgggtcgagg tgggctccca gccgccgtgc cccagcacca gatccaccgc 45120
gcgatgcca gatcgagctt gcggctggcg aggatctcct tcctcttgtg ctggccacct 45180
cataattaac aaccaatcca tttgggaaga caaatcaatt ttcgggtttt caccttgtaa 45240
tcccgtttaa ctccagagta caccctctt ttcaatagcc tgaaagtctc caagaaggaa 45300
tggtacaact ttaaattgcc aagaattgga aataaaaatta caaattgctc cgctaagggc 45360
cttccaagcg agggtagcgg tttttccggg ttgaccaacc caaccttaac aaaaaacaaa 45420
taatttttaa cccaaatcta aaaaaggaca taacgcttcc ttcgatttct tgacattcat 45480
ttaaaccocg gtaaattccc ttttttttat aatttccctc gttaaaaccc acttccacct 45540
ttccttttaa accaacctcc tttttcctca

```

<210> 2
 <211> 169
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

14/359

<223> New ORF = left: 9 right: 515 frame: 1 size(aa): 169

<400> 2

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

<210> 3

<211> 261

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 9 right: 791 frame: -1 size(aa): 261

<400> 3

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

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

<210> 4

<211> 111

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10 right: 342 frame: 2 size(aa): 111

<400> 4

Arg Arg Val Leu Asp Asp Thr Val Thr Phe Lys Val Gly Ala Ile Gly
 1 5 10 15
 Trp Pro Cys Ala Leu Gly Ile Leu Ser Arg Ser Trp Thr Arg Thr Arg
 20 25 30
 Ala Gly Ser Ala Ser Ala Val Gly Trp Leu Pro Arg Thr Ala Thr Arg
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

16/359

Ser Arg Ser Thr Arg His Pro Arg His Pro Ser Pro Ala Gly Gly Ser
 50 55 60

Gln Pro Arg Gly Ala Pro Pro Thr Asp Gly Pro Val Ile Arg Lys Pro
 65 70 75 80

Thr Gly Ala Pro Arg His Asp Gly Thr Gly Met Lys Pro Thr Gly Ala
 85 90 95

Pro Arg Gln Gly Pro Pro Glu Gly Val Pro Pro Arg Gly Gly Ser
 100 105 110

<210> 5

<211> 82

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 35 right: 280 frame: 3 size(aa): 82

<400> 5

Arg Ser Arg Trp Ala Pro Ser Asp Gly Pro Ala Pro Trp Gly Ser Cys
 1 5 10 15

Gln Gly His Gly Pro Gly Gln Gly Arg Gly Pro Leu Arg Arg Ser Gly
 20 25 30

Gly Cys Pro Gly Arg Arg His Asp His Ala Arg Arg Gly Thr Pro Asp
 35 40 45

Thr Pro Arg Arg Pro Gly Ala Ala Ser Pro Gly Gly His Arg Pro Arg
 50 55 60

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

Pro Gly

<210> 6

<211> 65

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41 right: 235 frame: -3 size(aa): 65

<400> 6

Pro Ala Arg Pro Trp Ala Val Pro Pro Gly Ala Gly Cys Pro Arg Pro
 1 5 10 15

Ala Arg Gly Val Gly Gly Ala Ala Ser Ser Val Ile Val Ser Pro Ser
 20 25 30

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

17/359

35 40 45

Met Thr Leu Thr Arg Ser Pro Gly Arg Arg Ala Ile Arg Trp Arg Pro
50 55 60

Pro
65

<210> 7
<211> 91
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 157 right: 429 frame: -2 size(aa): 91

<400> 7

Arg Leu His Pro Arg Pro Gly Ala Pro Arg Leu Ala Trp Ala Ala Ala
1 5 10 15

Arg Gln Pro Gly Gly Leu Ala Asp Pro Ala Gln Gly Leu Arg Pro Ala
20 25 30

Pro Arg Arg His Pro Leu Arg Gly Pro Leu Ala Arg Gly Pro Gly Arg
35 40 45

Leu His Pro Gly Ala Val Val Ala Arg Gly Pro Gly Arg Leu Pro Asp
50 55 60

Asp Arg Pro Val Arg Gly Arg Cys Pro Pro Gly Leu Ala Ala Pro Gly
65 70 75 80

Arg Arg Gly Val Ser Gly Val Pro Arg Arg Ala
85 90

<210> 8
<211> 84
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 239 right: 490 frame: -3 size(aa): 84

<400> 8

Gly Ser Cys Cys Ser Cys Trp Pro Trp Cys Arg Leu Arg Pro Gly Pro
1 5 10 15

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

Val Gly Ser Gly Pro Thr Ala Arg Arg Ser Gly Arg Pro Arg Pro Gly
35 40 45

Pro Thr Thr Arg Pro Ser Ala Ala Pro Pro Pro Gly Ala Pro Gly Ala
50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

18/359

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

Ser Ala Ser Gly

<210> 9

<211> 224

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 346 right: 1017 frame: 2 size(aa): 224

<400> 9

Ala Leu Gly Gly Val Cys Gln Thr Ala Gly Leu Ser Gly Arg Cys Pro
 1 5 10 15

Arg Gln Pro Gly Arg Pro Gly Ser Gly Met Lys Pro Ser Gly Gly Ala
 20 25 30

Ser Ala Gln Ala Ala Ala Gly Thr Arg Ala Ser Arg Ser Ser Arg Ser
 35 40 45

Leu Met Arg Pro Pro Val Trp Arg Arg Arg Ser Pro Gly Gly Gly Arg
 50 55 60

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

Arg Pro Arg Ser Pro Ser Arg Arg Arg Ala Cys Ala Ala Arg Gly Leu
 85 90 95

Arg Ala Gly Ser Arg Gly Arg Arg Ser Leu Gly His Pro Leu Gly Arg
 100 105 110

Gly Gly Leu Pro Ala Ala Val Pro Gln His Gln Ile His Pro Gly Asp
 115 120 125

Ala Gln Ile Glu Leu Ala Ala Gly Glu Asp Leu Leu Pro Leu Val Leu
 130 135 140

Gly His Leu Asp Ser Gln Pro Gly His Ala Met Leu Glu Asp Arg Val
 145 150 155 160

Asp Val Arg Gly Val Leu Val Glu Ile Pro Val Glu Leu Gln Glu Val
 165 170 175

Pro Ala Pro Phe Val Ser Glu Gly Val Asp Gly Pro Pro Arg Thr Gly
 180 185 190

Val Gly Ser Ser Val Arg Ser Gly Arg Gly His Gly Asp Arg Thr Ser
 195 200 205

Gly Arg Thr Gly Pro Arg Arg Gln Gly Pro Val Pro Arg Pro Glu Gly
 210 215 220

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

19/359

<210> 10
 <211> 158
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 425 right: 898 frame: 3 size(aa): 158

<400> 10

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

<210> 11
 <211> 75
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 433 right: 657 frame: -2 size(aa): 75

<400> 11

Thr	Thr	Pro	Pro	Arg	Pro	Gly	Pro	Lys	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Cys	Pro
1				5					10					15	
Thr	Ser	Ala	Arg	Arg	Pro	Gly	Pro	Ser	Ala	Ser	Thr	Ser	Ser	Pro	Ala
			20					25					30		
Pro	Arg	Ser	Arg	Ser	Ala	Arg	Pro	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly	Arg	Ser	Thr

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

20/359

35 40 45
 Pro Pro Tyr Arg Arg Pro His Glu Ala Pro Ala Ala Pro Ala Gly Pro
 50 55 60

Gly Ala Gly Cys Gly Leu Gly Arg Arg Pro Thr
 65 70 75

<210> 12
 <211> 131
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 494 right: 886 frame: -3 size(aa): 131

<400> 12

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

<210> 13
 <211> 59
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 612 right: 788 frame: 1 size(aa): 59

<400> 13

Gly Met Cys Gly Ser Arg Pro Ser Gly Arg Val Glu Gly Ala Ser Phe
 1 5 10 15

Thr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Arg Trp Ala Pro Ser Arg Arg Ala Pro
 20 25 30

Ala Pro Asp Pro Pro Arg Arg Cys Pro Asp Arg Ala Cys Gly Trp Arg
 35 40 45

Gly Ser Pro Ser Ser Cys Ala Gly Pro Pro Arg
 50 55

<210> 14

<211> 134

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 661 right: 1062 frame: -2 size(aa): 134

<400> 14

Ser Ala Trp Cys Trp Gly Ser His Pro Ala Ala His Ser Arg Leu Pro
 1 5 10 15

Leu Arg Pro Arg His Arg Pro Leu Thr Pro Arg Pro Ser Ser Ser Thr
 20 25 30

Arg Pro Ile Pro Met Ser Ser Pro Thr Ser Asn Ala Ala Thr Asp Ser
 35 40 45

Arg Pro Arg Arg Thr Val Tyr Ala Leu Thr Asp Lys Arg Gly Trp Tyr
 50 55 60

Leu Leu Glu Leu Asn Arg Asp Phe Asn Glu Tyr Thr Pro His Ile Asp
 65 70 75 80

Ser Val Leu Gln His Gly Met Ala Trp Leu Thr Ile Glu Val Ala Gln
 85 90 95

His Lys Arg Lys Glu Ile Leu Ala Ser Arg Lys Leu Asp Leu Gly Ile
 100 105 110

Ala Gly Val Asp Leu Val Leu Gly His Gly Gly Trp Glu Pro Thr Ser
 115 120 125

Thr Gln Gly Val Pro Gln
 130

<210> 15

<211> 65

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 795 right: 989 frame: -1 size(aa): 65

<400> 15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

22/359

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

Gly
 65

<210> 16
 <211> 80
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 890 right: 1129 frame: -3 size(aa): 80

<400> 16

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

<210> 17
 <211> 64
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 902 right: 1093 frame: 3 size(aa): 64

<400> 17

Thr Val Leu Arg Gly Arg Glu Ser Val Ala Ala Phe Glu Val Gly Glu
 1 5 10 15
 Asp Met Gly Ile Gly Arg Val Asp Glu Leu Gly Leu Gly Val Arg Gly
 20 25 30
 Arg Cys Arg Gly Arg Arg Gly Arg Arg Leu Trp Ala Ala Gly Trp Asp

35

40

45

Pro Gln His Gln Ala Asp Gln Ala Lys Glu Gln Gln His Arg Arg Leu
 50 55 60

<210> 18

<211> 50

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 963 right: 1112 frame: 1 size(aa): 50

<400> 18

Asp Glu Trp Thr Asn Trp Ala Ser Ala Ser Gly Ala Gly Ala Glu Ala
 1 5 10 15

Gly Gly Val Gly Gly Cys Gly Arg Arg Gly Gly Thr Pro Ser Thr Lys
 20 25 30

Arg Ile Arg Arg Arg Ser Ser Asn Ile Asp Gly Cys Lys Asp Gly Glu
 35 40 45

Asp Cys
 50

<210> 19

<211> 104

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 993 right: 1304 frame: -1 size(aa): 104

<400> 19

Leu Gln Ala Pro Asp Arg Gly Cys Gly Gln Ala Met Gly Leu Leu Pro
 1 5 10 15

Pro Pro Pro Gly Gln Ala Pro Asp Leu Glu Ala Pro Gln Arg Arg His
 20 25 30

Arg Arg His Pro Gly Leu Val Cys Gln Leu Ala Arg Gly Pro Gln Arg
 35 40 45

Arg Ile Pro His Ala Gln Ser Arg Leu Met Ser Ser Pro Ile Leu Ser
 50 55 60

Ala Val Leu Ala Val Leu Thr Ala Val Tyr Val Ala Ala Pro Ser Pro
 65 70 75 80

Asp Pro Leu Gly Ala Gly Gly Pro Thr Pro Pro Pro Thr Ala Ala Tyr
 85 90 95

Pro Ser Gly Leu Gly Thr Gly Pro
 100

<210> 20
 <211> 56
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1066 right: 1233 frame: -2 size(aa): 56

<400> 20

Ser Gly Ser Thr Pro Thr Ala Pro Pro Ser Ser Pro Arg Pro Arg Leu
 1 5 10 15
 Pro Thr Gly Thr Trp Ser Pro Thr Pro Asn Pro Ala Cys Ala Glu Pro
 20 25 30
 Pro His Glu Leu Pro Tyr Ser Leu Ser Ser Pro Arg Arg Pro Tyr Ser
 35 40 45
 Arg Leu Cys Cys Cys Ser Phe Ala
 50 55

<210> 21
 <211> 196
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1133 right: 1720 frame: -3 size(aa): 196

<400> 21

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

Lys Pro Gly Arg Thr Cys Pro Val Ser Gly Ser Tyr Arg Arg Gln Ile
 130 135 140

Glu Ala Ala Ala Lys Arg Trp Gly Phe Tyr Leu His Arg Gln Gly Lys
 145 150 155 160

His Leu Ile Trp Lys His Pro Asn Gly Ala Thr Val Val Thr Pro Ala
 165 170 175

Ser Ser Ala Asn Trp His Val Val Pro Asn Ala Glu Ser Arg Met Arg
 180 185 190

Arg Ala Ala Ser
 195

<210> 22

<211> 89

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 1136 right: 1402 frame: 3 size(aa): 89

<400> 22

Gly Gly Ser Ala His Ala Gly Phe Gly Val Gly Asp His Val Pro Val
 1 5 10 15

Gly Arg Arg Gly Arg Gly Asp Asp Gly Gly Ala Val Gly Val Leu Pro
 20 25 30

Asp Gln Val Leu Ala Leu Ala Val Glu Val Glu Ala Pro Ser Leu Gly
 35 40 45

Arg Ser Leu Asp Leu Ala Pro Val Ala Thr Gly His Gly Thr Gly Pro
 50 55 60

Pro Gly Leu Arg Leu Gly Ala Pro Pro Ala Arg Arg Ala Cys Arg Arg
 65 70 75 80

Arg Gly Arg Arg Gly Val Pro Arg Ser
 85

<210> 23

<211> 73

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 1204 right: 1422 frame: 2 size(aa): 73

<400> 23

Arg Arg Trp Arg Arg Trp Gly Ala Ser Arg Ser Gly Ala Cys Pro Gly
 1 5 10 15

Gly Gly Gly Arg Ser Pro Ile Ala Trp Pro Gln Pro Arg Ser Gly Ala

20 25 30
 Cys Ser Tyr Arg Thr Arg Asp Arg Ser Ser Arg Ala Ser Ala Gly Gly
 35 40 45
 Ser Ser Ser Gln Thr Arg Met Pro Pro Thr Arg Ala Gln Arg Arg Pro
 50 55 60
 Ser Gln Leu Thr Thr Arg Pro Ala Gly
 65 70

<210> 24
 <211> 85
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1237 right: 1491 frame: -2 size(aa): 85

<400> 24

His His Ala Gln Thr Pro His Pro Ala Pro Ala Pro Arg Asp Ala Ser
 1 5 10 15
 Gln Pro Pro Gly Pro Gln Leu Ser Gly Arg Pro Arg Gly Gln Leu Arg
 20 25 30
 Gly Thr Pro Leu Arg Pro Arg Arg Arg His Ala Arg Leu Ala Gly Gly
 35 40 45
 Ala Pro Ser Arg Ser Pro Gly Gly Pro Val Pro Cys Pro Val Ala Thr
 50 55 60
 Gly Ala Arg Ser Arg Leu Arg Pro Ser Asp Gly Ala Ser Thr Ser Thr
 65 70 75 80
 Ala Arg Ala Ser Thr
 85

<210> 25
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1305 right: 1640 frame: 1 size(aa): 112

<400> 25

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

His Pro Gly Glu Arg Val Leu Asp Ala Glu Ser Gly His Gly Val Arg
50 55 60

Gly Gly Arg Gly Trp Ala Pro Pro Gly Arg Ala Gly Trp Pro Leu Glu
65 70 75 80

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

Arg Arg Arg Pro Ala Pro Gly Arg Arg Pro Trp Ala Ser Gly Gly Arg
100 105 110

<210> 26

<211> 177

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 1308 right: 1838 frame: -1 size(aa): 177

<400> 26

Arg Ala Gly Arg Leu His Arg Leu Pro Ala Pro Ala Val Pro Gly Asp
1 5 10 15

Gly Gln Pro Arg Leu His Pro Gln Gly His Leu Arg His Pro Ala Pro
20 25 30

Asp Leu Ser Arg Leu Pro Leu Ile Pro Cys Pro Asn Arg Pro Ala Thr
35 40 45

Ser Ala Thr Ala Ser Thr Arg Pro Ser Met Ala Thr Ala Trp Arg Ser
50 55 60

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

Ser Ser Arg Thr Ser Ser Gly Ser Ser Thr Thr Thr Pro Arg Trp Ser
85 90 95

Asp Ser Phe Lys Arg Pro Pro Gly Ser Thr Trp Trp Ser Pro Pro Pro
100 105 110

Pro Pro Ser Asp Thr Met Pro Arg Leu Arg Ile Gln His Pro Leu Pro
115 120 125

Gly Met Pro Leu Ser Pro Gln Val Leu Asn Tyr Pro Ala Gly Arg Val
130 135 140

Val Ser Cys Glu Gly Arg Leu Cys Ala Leu Val Gly Gly Met Arg Val
145 150 155 160

Trp Leu Glu Glu Pro Pro Ala Glu Ala Arg Glu Asp Leu Ser Arg Val
165 170 175

Arg

<210> 27
 <211> 120
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1426 right: 1785 frame: 2 size(aa): 120

<400> 27

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

<210> 28
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1495 right: 1740 frame: -2 size(aa): 82

<400> 28

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

Pro Leu

Glu Gly Gly Lys Glu Gly Val Glu Gly Ser His Gly Arg Gly Trp Arg
100 105 110

Trp Thr Pro Gly Lys Gly Pro Leu Gly Ala Pro Glu Gly Phe Gly Arg
 115 120 125

Gly Arg Gly Gly Ser Ala Gln Ala Glu Gly Gln Leu Ala Gly Leu Gly
 130 135 140

Gln Gly
 145

<210> 31

<211> 118

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 1724 right: 2077 frame: -3 size(aa): 118

<400> 31

Pro Pro Pro Ala Thr Ala Glu Pro Leu Arg Gly Pro Gln Gly Pro Leu
 1 5 10 15

Ser Arg Cys Pro Pro Pro Pro Pro Pro Met Arg Pro Leu Tyr Ala Phe
 20 25 30

Leu Ser Thr Phe Cys Gly Gly Leu Val Val Phe Ala Ala Thr Thr Ala
 35 40 45

Gln Ala Ser Pro Leu Glu Pro Ser Thr Gly Val Phe Arg Leu Tyr Ala
 50 55 60

Gln Leu Gly Ala Leu Glu Tyr Gly Val Arg Ser Arg Ala Arg Gly Asp
 65 70 75 80

Gly Gln Gly Ala Cys Thr Ala Tyr Arg His Leu Leu Phe Leu Glu Met
 85 90 95

Val Asn Pro Asp Ser Thr Pro Lys Asp Ile Ser Asp Thr Gln Arg Leu
 100 105 110

Ile Ser Leu Ala Cys Arg
 115

<210> 32

<211> 85

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 1744 right: 1998 frame: -2 size(aa): 85

<400> 32

Asp Pro Ser Thr Pro Ser Phe Pro Pro Ser Ala Val Ala Ser Ser Ser
 1 5 10 15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

31/359

Ser Pro Pro Pro Gln Arg Arg Arg Pro Arg Ser Ser Pro Ala Arg Ala
 20 25 30

Cys Phe Ala Ser Thr Pro Ser Trp Ala His Ser Ser Met Ala Ser Ala
 35 40 45

Ala Val Pro Val Val Thr Gly Arg Ala Pro Ala Pro Pro Thr Gly Thr
 50 55 60

Cys Cys Ser Trp Arg Trp Ser Thr Pro Thr Pro Pro Pro Arg Thr Ser
 65 70 75 80

Pro Thr Pro Ser Ala
 85

<210> 33
 <211> 100
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1789 right: 2088 frame: 2 size(aa): 100

<400> 33

Pro Ser Pro Gly Thr Ala Gly Ala Gly Arg Arg Cys Arg Arg Pro Ala
 1 5 10 15

Arg His His Gly His Gly Cys Gly Arg His Thr Arg Val Arg Pro Ala
 20 25 30

Gly Arg Arg Gly Glu Thr Arg Pro Cys Trp Ala Arg Ala Gly Thr Pro
 35 40 45

Ala Leu Trp Trp Arg Arg Arg Arg Arg Gly His Arg Arg Arg Trp Lys
 50 55 60

Gly Arg Arg Arg Gly Val Ser Trp Glu Gly Val Glu Val Asp Thr Trp
 65 70 75 80

Lys Gly Ala Pro Gly Gly Pro Gly Gly Val Arg Pro Trp Pro Gly Gly
 85 90 95

Val Ser Pro Gly
 100

<210> 34
 <211> 385
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1842 right: 2996 frame: -1 size(aa): 385

<400> 34

Pro Ala Gly Gly Gly Ala Arg His Gln Ala Arg Leu Pro Arg Pro Arg

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

32/359

1		5		10		15
Arg	Gly	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg
		20				25
						30
Thr	Gly	Ser	Gly	Arg	Pro	Pro
		35				40
						45
Cys	Pro	Ala	Ile	Arg	Thr	Thr
		50				55
						60
Pro	Pro	Pro	Pro	Ala	Ser	Trp
					70	
						75
Cys	Ser	Arg	Arg	Thr	Thr	Pro
				85		
						90
Arg	Cys	Cys	Arg	Trp	Ser	Pro
				100		
						105
Cys	Arg	Arg	Pro	Pro	Phe	Ala
						120
						125
Ser	Ser	Arg	Pro	Gly	Asn	Trp
						135
						140
Arg	Ser	Val	Cys	Asp	Ile	Leu
					150	
						155
Val	Glu	Arg	Arg	Gly	Asn	Cys
				165		
						170
His	His	Leu	Tyr	Arg	His	Pro
				180		
						185
Val	Gly	Arg	Ala	His	Leu	His
						200
						205
Arg	His	Leu	Val	Arg	Pro	Gln
						215
						220
Arg	Ser	Arg	Cys	Glu	Asp	Arg
					230	
						235
Pro	His	Asp	Ser	Gly	Pro	Gln
				245		
						250
Cys	Pro	Pro	Gly	Arg	Arg	Leu
						265
						270
Pro	Leu	His	His	Arg	Pro	Pro
						280
						285
Leu	Pro	Val	Ser	Asn	Pro	Gly
						295
						300
Gly	Leu	Thr	Pro	Pro	Gly	His
						310
						315
Ala	Pro	Phe	Gln	Val	Ser	Thr
						330
						335

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

33/359

Arg Leu Pro Phe His Leu Leu Arg Trp Pro Arg Arg Leu Arg Arg His
 340 345 350

His Ser Ala Gly Val Pro Ala Arg Ala Gln His Gly Arg Val Ser Pro
 355 360 365

Leu Arg Pro Ala Gly Arg Thr Arg Val Trp Arg Pro Gln Pro Cys Pro
 370 375 380

Trp
 385

<210> 35
 <211> 61
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 1992 right: 2174 frame: 1 size(aa): 61

<400> 35

Arg Gly Leu Met Gly Gly Gly Gly Gly His Leu Glu Arg Gly Pro
 1 5 10 15

Trp Gly Pro Arg Arg Gly Ser Ala Val Ala Gly Gly Gly Gln Pro Arg
 20 25 30

Leu Arg Ala Ser Leu Arg Ala Ser Ala Arg Val Arg Asp Trp Gln Ser
 35 40 45

Ala Ser Leu Ala Met Ser Pro Pro Gly Arg Thr Met Val
 50 55 60

<210> 36
 <211> 145
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 2081 right: 2515 frame: -3 size(aa): 145

<400> 36

Trp Asn Gly Gly Gly Thr Ala Pro Pro Pro Leu Leu Pro Pro Met Ala
 1 5 10 15

Thr Thr Phe Thr Ala Thr Leu Pro Asp Gly Thr Thr Ala Thr Arg Lys
 20 25 30

Ser Ala Glu Arg Thr Tyr Thr His Cys Val Ala Arg Gln Ser Ser Asp
 35 40 45

Gly Thr Trp Phe Ala His Ser Trp Ala Gly Arg Pro Gly Leu Ala Ile
 50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

34/359

Ala Ala Ala Ala Lys Ile Gly Gly Arg Ala Ile Glu Ala Thr Val Ala
65 70 75 80

His Thr Thr Ala Ala Pro Lys Ala Leu Thr Lys Ala Gln Ile Gln Asp
85 90 95

Ala Leu Arg Ala Ala Gly Tyr Tyr Met Ser Gly Trp Val Arg Met Gly
100 105 110

Arg Tyr Thr Ile Val Arg Pro Gly Gly Asp Ile Ala Asn Asp Ala Asp
115 120 125

Cys Gln Ser Leu Thr Leu Ala Glu Ala Arg Lys Leu Ala Leu Ser Leu
130 135 140

Gly
145

<210> 37
<211> 122
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 2092 right: 2457 frame: 2 size(aa): 122

<400> 37

Gly Pro Ala Cys Gly Pro Arg Pro Gly Leu Glu Thr Gly Ser Arg His
1 5 10 15

Arg Trp Arg Cys Arg Arg Arg Gly Gly Arg Trp Cys Ser Gly Pro Cys
20 25 30

Gly Pro Asn Arg Thr Cys Ser Ser Arg Arg Pro Gly Gly His Pro Gly
35 40 45

Ser Gly Pro Trp Ser Gly Pro Trp Gly Pro Leu Ser Cys Gly Arg Arg
50 55 60

Ser Pro Arg Ser Pro Gly Pro Arg Ser Ser Gln Arg Leu Arg Trp Pro
65 70 75 80

Gly Arg Gly Gly Arg Pro Ser Cys Gly Arg Thr Arg Cys Arg Arg Trp
85 90 95

Thr Gly Gly Arg Arg Ser Gly Cys Arg Cys Ala Arg Pro Thr Cys Gly
100 105 110

Trp Arg Trp Cys Arg Arg Gly Gly Trp Arg
115 120

<210> 38
<211> 372
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 2123 right: 3238 frame: 3 size(aa): 372

<400> 38

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

Asp Gln Arg Arg Gln Gly Ala Pro Asp Val Gly Val Gly Leu Ala Gly
305 310 315 320

Leu Ala Val Val Val Gln Ile Gly Gly Glu Leu Val Gly Pro Val Gly
325 330 335

Gly Gly Gln Leu Val Tyr Gly Val Pro Ser Leu Gly Asp Gln Leu Glu
340 345 350

Gly Gly Gly Phe Val His Gly Gly Gly Ala Val Gly Ala Leu Arg Pro
355 360 365

Pro Tyr Thr Tyr
370

<210> 39
<211> 64
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 2211 right: 2402 frame: 1 size(aa): 64

<400> 39

Pro Ala Ala Arg Arg Ala Ser Trp Ile Trp Ala Leu Val Arg Ala Leu
1 5 10 15

Gly Ala Ala Val Val Trp Ala Thr Val Ala Ser Ile Ala Arg Pro Pro
20 25 30

Ile Phe Ala Ala Ala Ala Met Ala Arg Pro Gly Arg Pro Ala Gln Leu
35 40 45

Trp Ala Asn Gln Val Pro Ser Leu Asp Trp Arg Ala Thr Gln Trp Val
50 55 60

<210> 40
<211> 100
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 2251 right: 2550 frame: -2 size(aa): 100

<400> 40

His Ile Ala Arg Gly Leu Leu Pro Cys Phe Asn Ser Gly Thr Glu Gly
1 5 10 15

Glu Leu Pro Leu His Arg Ser Ser Pro Gln Trp Pro Pro Pro Leu Pro
20 25 30

Pro Pro Ser Pro Thr Ala Pro Pro Pro Pro Ala Ser Arg Pro Ser Ala
35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

37/359

Pro Thr Pro Thr Ala Ser Pro Ala Ser Pro Ala Thr Ala Pro Gly Ser
 50 55 60

Pro Thr Ala Gly Pro Ala Ala Pro Ala Trp Pro Ser Gln Pro Leu Arg
 65 70 75 80

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

Pro Pro Arg Pro
 100

<210> 41
 <211> 138
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 2461 right: 2874 frame: 2 size(aa): 138

<400> 41

Arg Trp Trp Pro Leu Gly Gly Gly Ala Val Glu Gly Gln Phe Pro Leu
 1 5 10 15

Arg Ser Thr Ile Lys Ala Arg Glu Gln Ser Pro Arg Asn Met Ser Gln
 20 25 30

Thr Asp Arg Val Ser Gln Asp Leu Lys Pro Ala His Gln Phe Pro Gly
 35 40 45

Leu Leu Asp Leu Val Val Gln Pro Gly Gly His Arg Ala Asn Gly Gly
 50 55 60

Arg Arg His Leu Leu Glu His Arg Gly Arg His Gly Gly Leu His Arg
 65 70 75 80

Gln His Arg Leu Glu Pro Phe Pro Glu Ala Gly Gly Gly Val Val Arg
 85 90 95

Leu Leu Gln Gln Val Leu Glu Gly Gly His Leu Leu Gln Asp Ala Gly
 100 105 110

Gly Gly Gly Gly Pro Gly Gly Ala Leu Ser Asp Gly Val Val Arg Ile
 115 120 125

Ala Gly His Glu Gly His Gly Arg Leu Glu
 130 135

<210> 42
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 2523 right: 2852 frame: 1 size(aa): 110

<400> 42

```

Ser Thr Gly Ala Ile Pro Ala Gln Tyr Val Thr Asp Gly Ser Ser Gln
1          5          10          15

Pro Gly Ser Gln Ala Gly Ala Pro Val Pro Gly Pro Ala Arg Ser Gly
          20          25          30

Gly Pro Ala Gly Arg Thr Ser Gly Lys Arg Gly Pro Pro Thr Ser Ser
          35          40          45

Arg Ala Pro Gly Pro Pro Trp Gly Ala Pro Ser Thr Ala Pro Ala Arg
          50          55          60

Ala Val Pro Arg Gly Gly Arg Trp Ser Cys Ala Ser Ala Ala Ala Gly
65          70          75          80

Pro Arg Gly Arg Thr Ser Ala Pro Gly Arg Arg Gly Trp Gly Arg Thr
          85          90          95

Trp Gly Arg Ser Leu Gly Trp Arg Arg Thr Asp Arg Gly Ala
          100          105          110

```

<210> 43

<211> 118

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 2554 right: 2907 frame: -2 size(aa): 118

<400> 43

```

Trp Gly Tyr Arg Leu Arg Pro Ala Pro Thr Leu Phe Gln Pro Pro Met
1          5          10          15

Ala Leu Met Pro Arg Asp Pro Tyr Asp Ala Ile Arg Glu Ser Ala Pro
          20          25          30

Arg Ser Ala Pro Thr Pro Gly Val Leu Glu Gln Met Ser Ala Leu Glu
          35          40          45

Asp Leu Leu Gln Gln Thr His Asn Ser Thr Ser Arg Leu Trp Glu Arg
          50          55          60

Leu Glu Pro Val Leu Ser Met Glu Pro Pro Met Ala Ala Pro Val Leu
65          70          75          80

Glu Lys Met Ser Ala Ala Pro Val Cys Pro Met Ser Ala Arg Leu Asp
          85          90          95

His Gln Ile Glu Gln Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Leu Glu Ile Leu
          100          105          110

Ala Asp Ser Ile Arg Leu
          115

```

<210> 44

<211> 114

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

39/359

<212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 2582 right: 2923 frame: -3 size(aa): 114

<400> 44

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

Pro Ala

<210> 45
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 2895 right: 3125 frame: 1 size(aa): 77

<400> 45

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

40/359

<210> 46
 <211> 109
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 2927 right: 3253 frame: -3 size(aa): 109

<400> 46

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

<210> 47
 <211> 90
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 2927 right: 3253 frame: -3 size(aa): 109

<400> 47

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

41/359

85

90

<210> 48
 <211> 115
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3025 right: 3369 frame: 2 size(aa): 115

<400> 48

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

<210> 49
 <211> 146
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3129 right: 3566 frame: 1 size(aa): 146

<400> 49

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

Pro Val Gly Ser Gly Leu Arg His Pro Asp Gly Val Gly Val Val Gly
 65 70 75 80

Ile Ala Gly Pro Gly Ala Tyr Pro Asp Gly Leu Ala Val Thr Gln Gly
 85 90 95

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

Gln Val Glu Leu Val Asn Arg Leu Gly Ser Arg His Arg Gly Gly Ser
 115 120 125

Ser Gly Val Gly Arg Gly Gly Gly Arg Gly Ala Pro Gly Trp Leu Arg
 130 135 140

Pro Gly
 145

<210> 50
 <211> 55
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3241 right: 3405 frame: -2 size(aa): 55

<400> 50

Arg Pro Gly Arg Pro Asp Lys His Leu Val Arg Leu Cys Pro Arg His
 1 5 10 15

Pro His Arg Arg Gly Gly Gly Gly Pro Ser Arg Leu Ala Pro Ile Pro
 20 25 30

Arg Pro Gly Val Asp His Tyr Glu Pro Arg Ser Pro Leu Arg Tyr Cys
 35 40 45

Ala Ala Glu Ser Ala Val Leu
 50 55

<210> 51
 <211> 104
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3273 right: 3584 frame: -1 size(aa): 104

<400> 51

Ser Ser Thr Ser Arg Ser Thr Trp Pro Glu Pro Pro Gly Gly Pro Thr
 1 5 10 15

Ala Pro Thr Pro Ser His Pro Thr Ala Pro Pro Thr Met Ser Arg Ser
 20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

43/359

Gln Pro Ile His Lys Leu Tyr Leu Pro Gly Pro Leu Leu Ser Gly Leu
 35 40 45

His Arg Val Ser Arg Ser Tyr Met Pro Leu Gly Asp Gly Gln Ala Val
 50 55 60

Arg Ile Ser Thr Trp Ser Gly Tyr Ala His Asp Thr His Thr Val Gly
 65 70 75 80

Val Ala Glu Ala Arg Ala Asp Trp Arg Arg Tyr Arg Ala Gln Gly Trp
 85 90 95

Thr Thr Thr Asn Pro Asp Leu Arg
 100

<210> 52
 <211> 106
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3293 right: 3610 frame: 3 size(aa): 106

<400> 52

Trp Ser Thr Pro Gly Arg Gly Ile Gly Ala Ser Arg Leu Gly Pro Pro
 1 5 10 15

Pro Pro Arg Arg Cys Gly Cys Arg Gly His Ser Arg Thr Arg Cys Leu
 20 25 30

Ser Gly Arg Pro Gly Arg His Pro Gly Ala Cys Ser Ser Gly Arg His
 35 40 45

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

Ala Gly Ile Ser Thr Ser Trp Gly Glu Gln Trp Gly Gly Thr Gly Trp
 65 70 75 80

Gly Pro Trp Gly Pro Arg Val Ala Gln Ala Arg Leu Thr Leu Thr Cys
 85 90 95

Ser Ile Ser Cys Ala Thr Trp Leu Cys Leu
 100 105

<210> 53
 <211> 124
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3389 right: 3760 frame: -3 size(aa): 124

<400> 53

Gly Asn Arg Arg Pro Ala His Pro Arg Gly Arg Pro Arg Ala Ala His

<210>	55
<211>	56
<212>	PRT
<213>	Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

45/359

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 3588 right: 3755 frame: -1 size(aa): 56

<400> 55

Ser Thr Thr Cys Ala Ser Ser Arg Pro Thr Ser Ser Ser Ala Pro Ser
1 5 10 15

Arg Ala Thr Pro Ser Ser Ser Lys Thr Pro Ala Arg Arg Gly Ser Ala
20 25 30

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

Thr Ser Thr Ala Arg Trp Arg Ser
50 55

<210> 56

<211> 76

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 3652 right: 3879 frame: -2 size(aa): 76

<400> 56

Ile Pro Arg Val Leu Ile Val Val Arg Gly Pro Arg Arg Pro His Arg
1 5 10 15

Phe Gln Thr Met Asp Thr Ile His Thr Gln Phe Ala Glu Ala Gly Leu
20 25 30

Thr Leu Gly Pro Trp Arg Ala Glu Val Ile Asp Asp Leu Arg Ile Leu
35 40 45

Glu Ala Asp Leu Glu Gln Arg Thr Ile Glu Gly Asn Thr Val Val Ile
50 55 60

Gln Asp Ala Gly Gln Glu Gly Leu Ser Tyr Leu Val
65 70 75

<210> 57

<211> 101

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 3662 right: 3964 frame: 3 size(aa): 101

<400> 57

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

46/359

Met Val Arg Cys Ser Arg Ser Ala Ser Arg Met Arg Arg Ser Ser Ile
 20 25 30

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

Val Trp Met Val Ser Met Val Trp Lys Arg Trp Gly Arg Leu Gly Pro
 50 55 60

Arg Thr Thr Ile Lys Thr Arg Gly Ile Gln Leu Arg Asn Thr Pro Gly
 65 70 75 80

Leu Val Ser Pro Pro Gly Arg Arg Arg Pro Pro Gly Ser Arg Arg Arg
 85 90 95

Arg Arg Ser Ser Arg
 100

<210> 58
 <211> 250
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3693 right: 4442 frame: 1 size(aa): 250

<400> 58

Arg Arg Cys Cys Pro Arg Trp Cys Ala Ala Arg Gly Arg Pro Arg Gly
 1 5 10 15

Cys Ala Gly Arg Arg Leu Pro Gln Pro Ala Arg Gly Gln Gly Leu Gly
 20 25 30

Arg Leu Arg Arg Thr Gly Cys Gly Trp Cys Pro Trp Phe Gly Ser Gly
 35 40 45

Gly Gly Ala Ser Ala Pro Val Gln Leu Leu Lys His Gly Gly Phe Ser
 50 55 60

Cys Ala Ile Pro Arg Gly Trp Ser Ala Arg Gln Val Gly Glu Gly Leu
 65 70 75 80

Pro Asp Leu Gly Val Val Asp Asp Leu Leu Gly Glu Gly Ala Gln Val
 85 90 95

Val Leu Leu Ala Glu Gly His Gly Leu Leu Asp Leu Val Tyr Gly Ala
 100 105 110

Arg Asp Arg Val Val Ala Gly Arg Ala Glu Gly Pro Leu Asp Leu Gly
 115 120 125

Ala Thr Ala Gly Glu Asp Leu Gly Leu Asp Leu Ala Gly Asp Gly Gly
 130 135 140

Glu Gly Gly Ala Val His Gly Val Leu Cys Gly Val Tyr Leu Leu Lys
 145 150 155 160

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

47/359

	165		170		175										
Gly	Pro	Val	Ala	His	Glu	His	His	Pro	Leu	Leu	Ala	Pro	Leu	Gly	Leu
			180					185					190		
Val	Glu	Gly	Gly	Ala	Val	Gly	His	Thr	Val	Gly	Asp	Pro	Asp	Val	Val
		195					200					205			
Asp	Arg	Gly	Pro	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Pro	Ala	Met	Leu	Thr	Ile	Glu
	210					215					220				
Val	His	Leu	Ser	Gly	Ala	Val	Gly	Ala	Pro	Val	Leu	Ala	Ala	Leu	Gly
225					230					235					240
Asp	Gly	His	Pro	Gly	Gly	Leu	Glu	Gly	Ala						
				245					250						

<210> 59

<211> 249

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 3764 right: 4510 frame: -3 size(aa): 249

<400> 59

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

Thr Thr Trp Ala Pro Ser Pro Arg Arg Ser Ser Thr Thr Pro Arg Ser
 180 185 190

Gly Arg Pro Ser Pro Thr Trp Arg Ala Asp Gln Pro Arg Gly Ile Ala
 195 200 205

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

Pro Pro Leu Pro Asn His Gly His His Pro His Pro Val Arg Arg Ser
 225 230 235 240

Arg Pro Asn Pro Trp Pro Leu Ala Gly
 245

<210> 60
 <211> 222
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 3883 right: 4548 frame: -2 size(aa): 222

<400> 60

Pro Thr Pro Ala Arg Pro Arg Trp Arg Pro Ala Ala Glu Pro Leu Arg
 1 5 10 15

Ala Pro Gly Gly Ala Pro His Ser Ser His Pro Thr Pro Thr Pro His
 20 25 30

Gly Gln Val Thr His Pro Pro Gly Arg Pro Asp Gly His Leu Pro Val
 35 40 45

Pro Gln Ala Pro Gly Arg Gln Arg Pro Arg Ser Gly Ala Leu Arg Ser
 50 55 60

Ser Ala Trp Pro Ala Pro Gly Gln Gln Pro Gly Pro Asp Leu Pro Arg
 65 70 75 80

Pro Gly Arg Arg Arg Tyr Ala Leu Arg His Pro Pro Arg Pro Ala Pro
 85 90 95

Val Gly Arg Gly Ala Gly Gly Val Arg Gly Gln Pro Gly Arg Asp Pro
 100 105 110

Gly Leu Gly Arg Gly Val Leu Arg Leu Val Ile Arg Arg Ala Leu Ile
 115 120 125

Gly Ile His Arg Thr Gly Pro His Gly Pro Arg His Pro Pro Arg His
 130 135 140

Arg Pro Pro Asp Arg Gly Pro Asp Pro Arg Arg Leu Trp Arg Pro Asp
 145 150 155 160

Arg Val Asp Leu Pro Leu Asp Leu Pro Leu His Asp Leu Trp Pro His
 165 170 175

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

49/359

Ile Pro Gly Pro Gly Gly Arg Gly Leu Leu Pro Gly Ala Gln Pro Gly
 180 185 190

His Pro His Arg Glu Asp Arg Leu Arg Arg Arg Asp Pro Gly Gly Leu
 195 200 205

Arg Leu Pro Gly Gly Leu Thr Ser Pro Gly Val Leu Arg Ser
 210 215 220

<210> 61

<211> 85

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 3909 right: 4163 frame: -1 size(aa): 85

<400> 61

Val Tyr Thr Ala Gln Asp Pro Met Asp Arg Ala Thr Leu Pro Ala Ile
 1 5 10 15

Ala Arg Gln Ile Glu Ala Gln Ile Leu Ala Gly Cys Gly Ala Gln Ile
 20 25 30

Glu Trp Thr Phe Arg Ser Thr Cys His Tyr Thr Ile Ser Gly Pro Ile
 35 40 45

Tyr Gln Val Gln Glu Ala Val Ala Phe Cys Gln Glu His Asn Leu Gly
 50 55 60

Thr Leu Thr Glu Lys Ile Val Tyr Asp Ala Glu Ile Arg Glu Ala Phe
 65 70 75 80

Ala Tyr Leu Ala Gly
 85

<210> 62

<211> 171

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 3968 right: 4480 frame: 3 size(aa): 171

<400> 62

Gly Cys Pro Gly Cys Ala Pro Gly Arg Arg Pro Arg Pro Pro Gly Pro
 1 5 10 15

Gly Ile Trp Gly Gln Arg Ser Cys Ser Gly Arg Ser Ser Gly Arg Ser
 20 25 30

Thr Arg Ser Gly Arg His Ser Arg Arg Gly Ser Gly Pro Arg Ser Gly
 35 40 45

Gly Arg Trp Arg Gly Gly Trp Arg Gly Pro Trp Gly Pro Val Arg Cys

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

50/359

50 55 60
 Ile Pro Ile Lys Ala Arg Arg Ile Thr Arg Arg Asn Thr Pro Arg Pro
 65 70 75 80
 Arg Pro Gly Ser Arg Pro Gly Cys Pro Arg Thr Pro Pro Ala Pro Arg
 85 90 95
 Pro Thr Gly Ala Gly Arg Gly Gly Cys Arg Arg Ala Tyr Arg Arg Arg
 100 105 110
 Pro Gly Arg Gly Arg Ser Gly Pro Gly Cys Cys Pro Gly Ala Gly His
 115 120 125
 Ala Asp Asp Arg Ser Ala Pro Glu Arg Gly Arg Trp Arg Pro Gly Ala
 130 135 140
 Cys Gly Thr Gly Arg Trp Pro Ser Gly Arg Pro Gly Gly Cys Val Thr
 145 150 155 160
 Trp Pro Trp Gly Val Gly Val Gly Trp Asp Glu
 165 170

<210> 63

<211> 170

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4185 right: 4694 frame: -1 size(aa): 170

<400> 63

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

51/359

Gln Trp Gly Glu Glu Arg Val Val Phe Val Gly Asn Arg Ala Glu Ile
 145 150 155 160

Leu Ala Trp Ala Glu Ala Tyr Cys Ala Ser
 165 170

<210> 64

<211> 79

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4375 right: 4611 frame: 2 size(aa): 79

<400> 64

Ala Gly Pro Leu Ala Pro Arg Cys Leu Arg His Trp Glu Met Ala Ile
 1 5 10 15

Arg Ala Ala Trp Arg Val Arg Asn Leu Ala Met Gly Cys Arg Gly Gly
 20 25 30

Val Gly Arg Val Arg Gly Pro Ser Arg Gly Pro Glu Gly Leu Ser Gly
 35 40 45

Arg Pro Pro Ser Gly Pro Cys Arg Arg Arg Ser Ala Pro Ala Pro Gly
 50 55 60

Ala Thr Cys Gly Cys Pro Arg Trp Trp Pro Gly Gly Arg Pro Ser
 65 70 75

<210> 65

<211> 90

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4446 right: 4715 frame: 1 size(aa): 90

<400> 65

Leu Gly His Gly Val Ser Gly Trp Gly Gly Thr Ser Glu Gly Pro Leu
 1 5 10 15

Pro Gly Pro Gly Gly Ala Gln Arg Pro Ala Ala Ile Trp Ala Leu Pro
 20 25 30

Ala Ser Val Ser Thr Ser Thr Arg Cys Asp Leu Arg Val Pro Ser Met
 35 40 45

Val Ala Arg Arg Pro Ala Phe Leu Arg Leu Val Arg Arg Gly Ala Ser
 50 55 60

Val Arg Gly Met Cys Arg Thr Val Pro Ser Met Ala Pro Arg Pro Ser
 65 70 75 80

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

52/359

Pro Cys Cys Ser Ile Thr Arg Pro Thr Leu
 85 90

<210> 66

<211> 442

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4484 right: 5809 frame: 3 size(aa): 442

<400> 66

Gly Ala Pro Pro Gly Ala Arg Arg Gly Ser Ala Ala Gly Arg His Leu
 1 5 10 15

Gly Leu Ala Gly Val Gly Gln His Gln His Pro Val Arg Leu Ala Gly
 20 25 30

Ala Leu Asp Gly Gly Gln Glu Ala Gly Leu Leu Glu Val Gly Gln Ala
 35 40 45

Gly Arg Leu Gly Glu Gly Asp Val Gln Asp Gly Ala Glu His Gly Thr
 50 55 60

Thr Ala Leu Ala Leu Leu Leu Asn His Gln Ala Asp Pro Val Glu Gln
 65 70 75 80

Arg Leu Gly Gly Val Val Glu Gly Val Pro Gly Glu Ala Gly Pro Leu
 85 90 95

Gly Leu Ala Gly Leu Arg Gly Val Glu Ala Gly Leu Gly Gly Ser Gly
 100 105 110

Ala Ala Ala Gly Gly Gly Val His Pro Val Val Gly Gly Gly Leu Gly
 115 120 125

Asp Gly Leu Gly Gly Pro Leu Leu Gly Gly Gly Gly Gly His Ala Leu
 130 135 140

Gly Asp Gly Gly Leu Leu Gly Asp Gly Leu Gly Asp Asp Gly Leu Gly
 145 150 155 160

Leu Gly Gln Ala Asp Pro Leu Ala Val Ala Val Glu Val Ala Ala Gly
 165 170 175

Gly Ala Gly Tyr Ala Ala Val Leu Asp Val Leu Leu Ala Val Phe Gly
 180 185 190

Gly Gln Asn Gly Phe Val Glu Gly Gly Gly Gly Gly Glu Glu Val Arg
 195 200 205

His Arg Arg Gly Gly Gly Gly Val Gly Leu Val Pro Pro Asp Cys Trp
 210 215 220

Gly Leu Val Gly Ala Trp Val Ala Pro Gly Ala Pro Gly Leu Leu Gly
 225 230 235 240

Ala Gly Arg Gly Trp Thr Ala Ala Pro Gly Arg Arg Val Gly Gly Ala

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

53/359

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

<210> 67

<211> 367

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4514 right: 5614 frame: -3 size(aa): 367

<400> 67

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

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

<210> 68
 <211> 135
 <212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

55/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4698 right: 5102 frame: -1 size(aa): 135

<400> 68

Leu Leu Pro His Pro His His Pro Arg Arg Ser Arg Ser Gly Arg Arg
1 5 10 15

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

Arg Leu Leu Leu Leu Pro Arg Gln Ala Asp Arg Pro Gly Gln Gly Arg
35 40 45

Gly His Arg Arg Pro Gly Arg Arg Arg Gly Gly Arg Arg Arg Arg Gly
50 55 60

His Asp Arg Arg His Arg Arg Ala Ala Gly His Pro Asp His Leu Arg
65 70 75 80

Gly Arg Arg Arg Pro Pro Gly Gly Pro Arg Arg Arg Leu Pro His Arg
85 90 95

Cys Pro Pro Asp Arg Pro Arg His Pro Gly Ala Pro Pro Ala Gln Ala
100 105 110

Asp Arg Leu His Leu Gly Arg Pro Gln Arg Arg His Gln Gly Ala Val
115 120 125

Leu Gln Gly Arg Pro Gly Asp
130 135

<210> 69

<211> 68

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4702 right: 4905 frame: -2 size(aa): 68

<400> 69

Pro Pro Pro Pro Pro Ser Ser Gly Pro Pro Arg Pro Ser Pro Arg Pro
1 5 10 15

Pro Pro Thr Thr Gly Trp Thr Pro Pro Pro Ala Ala Ala Pro Leu Pro
20 25 30

Pro Arg Pro Ala Ser Thr Pro Arg Ser Pro Ala Ser Pro Ser Gly Pro
35 40 45

Ala Ser Pro Gly Thr Pro Ser Thr Thr Pro Pro Arg Arg Cys Ser Thr
50 55 60

Gly Ser Ala Trp

65

<210> 70

<211> 92

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4719 right: 4994 frame: 1 size(aa): 92

<400> 70

Asn Ser Ala Leu Val Ala Ser Leu Arg Ala Ser Gln Val Lys Pro Val
1 5 10 15

Arg Leu Gly Trp Arg Gly Ser Gly Val Ser Arg Pro Val Trp Gly Ala
20 25 30

Ala Val Arg Gln Pro Ala Ala Gly Ser Thr Arg Trp Ser Ala Ala Ala
35 40 45

Ser Glu Met Val Trp Val Ala Arg Cys Ser Ala Val Ala Ala Val Met
50 55 60

Pro Ser Ala Thr Ala Ala Ser Ser Ala Thr Ala Trp Ala Thr Met Ala
65 70 75 80

Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ile Arg Leu Pro Trp Gln
85 90

<210> 71

<211> 176

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 4759 right: 5286 frame: 2 size(aa): 176

<400> 71

Ser Arg Ser Ala Trp Ala Gly Gly Ala Pro Gly Cys Arg Gly Arg Ser
1 5 10 15

Gly Gly Gln Arg Cys Gly Ser Arg Arg Arg Gly Pro Pro Gly Gly Arg
20 25 30

Arg Arg Pro Arg Arg Trp Ser Gly Trp Pro Ala Ala Arg Arg Trp Arg
35 40 45

Arg Ser Cys Pro Arg Arg Arg Arg Pro Pro Arg Arg Arg Pro Gly Arg
50 55 60

Arg Trp Pro Arg Pro Trp Pro Gly Arg Ser Ala Cys Arg Gly Ser Arg
65 70 75 80

Ser Ser Arg Trp Gly Cys Arg Leu Cys Arg Ser Thr Arg Arg Ser Ala
85 90 95

Gly Cys Ile Arg Arg Pro Glu Arg Leu Arg Arg Gly Trp Trp Gly Trp
 100 105 110

Gly Arg Ser Gln Thr Ser Glu Gly Trp Arg Trp Gly Gly Val Gly Ala
 115 120 125

Pro Gly Leu Leu Gly Ala Gly Arg Arg Val Gly Gly Ala Trp Cys Pro
 130 135 140

Arg Thr Ala Gly Gly Gly Ser Gly Leu Asp Cys Cys Pro Trp Ser Ala
 145 150 155 160

Arg Gly Trp Arg His Arg Gly Val Val Ser Pro Pro Leu Tyr Asn Tyr
 165 170 175

<210> 72

<211> 92

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5004 right: 5279 frame: 1 size(aa): 92

<400> 72

Pro Leu Gly Val Gln Val Met Pro Gln Tyr Ser Thr Phe Cys Trp Leu
 1 5 10 15

Tyr Ser Ala Ala Arg Thr Ala Ser Ser Arg Val Val Gly Val Gly Lys
 20 25 30

Lys Ser Asp Ile Gly Gly Val Ala Val Gly Trp Gly Trp Cys Pro Arg
 35 40 45

Thr Ala Gly Gly Trp Ser Ala Arg Gly Trp Arg Leu Val Pro Pro Asp
 50 55 60

Cys Trp Gly Arg Val Gly Ala Gly Leu Leu Pro Leu Val Gly Ala Trp
 65 70 75 80

Val Ala Pro Ser Gly Gly Cys Leu Ser Pro Leu Val
 85 90

<210> 73

<211> 106

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5023 right: 5340 frame: -2 size(aa): 106

<400> 73

Gln Ser Val Lys Trp Leu Cys Arg Gly Leu Arg Arg His Ser Arg Arg
 1 5 10 15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

58/359

Ala Leu Ile Val Ile Gln Gly Gly Arg Asp Asn Pro Pro Met Ala Pro
 20 25 30

Pro Thr Arg Arg Pro Gly Ala Ala Val Gln Pro Arg Pro Ala Pro Ser
 35 40 45

Ser Pro Gly Ala Pro Gly Ala Thr His Ala Pro Thr Ser Pro Gln Gln
 50 55 60

Ser Gly Gly Thr Asn Pro Thr Pro Pro Pro Pro Leu Arg Cys Leu Thr
 65 70 75 80

Ser Ser Pro Pro Pro Pro Pro Ser Thr Lys Pro Phe Trp Pro Pro Asn
 85 90 95

Thr Ala Ser Arg Thr Ser Ser Thr Ala Ala
 100 105

<210> 74
 <211> 59
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 5106 right: 5282 frame: -1 size(aa): 59

<400> 74

Leu Tyr Lys Gly Gly Glu Thr Thr Pro Arg Trp Arg His Pro Arg Ala
 1 5 10 15

Asp Gln Gly Gln Gln Ser Ser Pro Asp Pro Pro Pro Ala Val Arg Gly
 20 25 30

His Gln Ala Pro Pro Thr Arg Arg Pro Ala Pro Ser Ser Pro Gly Ala
 35 40 45

Pro Thr Pro Pro His Arg His Pro Ser Asp Val
 50 55

<210> 75
 <211> 174
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 5326 right: 5847 frame: 2 size(aa): 174

<400> 75

Pro Leu His Arg Leu Ser His Phe Gly Pro Gly Asp Gly Gly Gly Ala
 1 5 10 15

Arg Pro Arg Arg Cys Gly Pro Arg Pro Arg Thr Ala Pro Arg Arg Arg
 20 25 30

Gly Ser Thr Arg Ala Cys Ala Arg Arg Pro Gly Gly His Pro Glu Pro

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

59/359

35 40 45
 Thr Thr Arg Ala Arg Ser Arg Ser Ser Thr Gly Pro Trp Pro Pro Ser
 50 55 60
 Gly Arg Ser Arg Gln Arg Trp His Gly Gly Arg Arg Thr Trp Ser Gly
 65 70 75 80
 Trp Arg Trp Gly Gly Gly Gly Met Gly Pro Gly Gly Ala Gly Gly Arg
 85 90 95
 Leu Arg Pro Ala Ala Gly Arg Pro Gly Arg Ser Gly Ser Gly Arg Pro
 100 105 110
 Ala Trp Gln Pro Arg Arg Gly Ser Arg Gly Arg Ala Trp His Ser Arg
 115 120 125
 Pro Gly Thr Trp Pro Arg Trp Cys Gly Arg Pro Ser Ser Arg Gly Cys
 130 135 140
 Gly Thr Ala Thr Pro Gly Ala Arg Pro Ser Ser Thr Arg Ser Gly Pro
 145 150 155 160
 Gly Leu Glu Pro Ala Pro Arg Gly Trp Pro Trp Ala Gly Arg
 165 170

<210> 76

<211> 186

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5334 right: 5891 frame: -1 size(aa): 186

<400> 76

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

60/359

Gln Gly Pro Val Asp Asp Arg Leu Arg Ala Leu Val Val Gly Ser Gly
 130 135 140

Cys Pro Pro Gly Arg Arg Ala His Ala Arg Val Glu Pro Arg Arg Arg
 145 150 155 160

Gly Ala Val Arg Gly Arg Gly Pro His Leu Arg Gly Arg Ala Pro Pro
 165 170 175

Pro Ser Pro Gly Pro Lys Cys Asp Ser Leu
 180 185

<210> 77

<211> 86

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5487 right: 5744 frame: 1 size(aa): 86

<400> 77

Ser Val Ile Asp Arg Ala Leu Ala Ser Gln Arg Ala Lys Ser Ala Ala
 1 5 10 15

Val Ala Trp Trp Ala Gln Asp Met Val Gly Val Ala Val Gly Gly Arg
 20 25 30

Gly Asp Gly Pro Gly Gly Arg Arg Gly Ala Ala Gln Ala Gly Ser Arg
 35 40 45

Ser Ser Arg Gln Ile Gly Val Arg Thr Ser Arg Leu Ala Thr Ser Thr
 50 55 60

Arg Val Ser Trp Pro Ser Leu Ala Phe Gln Thr Arg Asn Leu Ala Glu
 65 70 75 80

Val Val Trp Ala Pro Gln
 85

<210> 78

<211> 52

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5494 right: 5649 frame: -2 size(aa): 52

<400> 78

Pro Arg Ser Ala Gly Thr Thr Cys Cys Arg Pro Glu Pro Pro Pro Gly
 1 5 10 15

Ala Pro Arg Ala His Pro Pro Ser Pro Pro Pro Pro Pro Arg Pro Cys
 20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

61/359

Pro Ala Pro Thr Met Pro Pro Leu Pro Thr Ser Pro Ala Gly Arg Pro
 35 40 45

Arg Pro Gly Arg
 50

<210> 79

<211> 153

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5618 right: 6076 frame: -3 size(aa): 153

<400> 79

Pro Thr Arg Ala Gly Pro Ser Gly Pro Pro Thr Pro Gly Pro Thr Trp
 1 5 10 15

Ala Asp Ser Pro Gly Gly Phe Gly Pro His Pro Asp Pro Gly Arg Ile
 20 25 30

Ala Ser Gly Val Phe Pro Cys Phe Asn Ser Gly Thr Gly Ala Glu Cys
 35 40 45

Pro Thr Arg Arg Pro Arg Gly Arg Ser Ser Arg Glu Ser Asp Gln Leu
 50 55 60

Asp Glu Val Gly Asn Arg Val Ala Gly Phe Thr Val Asn Gly Gln Pro
 65 70 75 80

Met Ala Thr His Glu Val Arg Ala Leu Asn Arg Asp Leu Thr Trp Ser
 85 90 95

Ser Ser Val Glu Leu Leu Val Trp Leu Ser Arg Thr Pro Gly Tyr Trp
 100 105 110

Gly Ala His Thr Thr Ser Ala Lys Phe Arg Val Trp Asn Ala Lys Leu
 115 120 125

Gly His Glu Thr Leu Val Glu Val Ala Lys Arg Asp Val Leu Thr Pro
 130 135 140

Ile Cys Arg Asp Asp Leu Leu Pro Ala
 145 150

<210> 80

<211> 218

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5812 right: 6465 frame: -2 size(aa): 218

<400> 80

His Pro Arg Trp Trp Leu Arg Cys Glu Gly Ser Pro Lys Arg Pro Ile

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

Lys Ala Arg Lys Asn Pro Gly Arg Asn Thr Pro Gly Val Gly Met Gly
 50 55 60

Ala Glu Ala Pro Gly
 65

<210> 82

<211> 353

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 5892 right: 6950 frame: 1 size(aa): 353

<400> 82

Ser Asp Ser Arg Glu Glu Arg Pro Leu Gly Arg Arg Val Gly His Ser
 1 5 10 15

Ala Pro Val Pro Leu Leu Lys His Gly Lys Thr Pro Asp Ala Ile Arg
 20 25 30

Pro Gly Ser Gly Trp Gly Pro Lys Pro Pro Gly Glu Ser Ala Gln Val
 35 40 45

Gly Pro Gly Val Gly Gly Pro Asp Gly Pro Ala Leu Val Gly Gln Ala
 50 55 60

Glu His Leu Val Gly Leu Leu Leu Ala Leu Asp Gly Leu Gln Glu Ala
 65 70 75 80

Arg Leu Leu Glu Val Gly Gln Ala Gly Gly Val Gly Gln Gly His Leu
 85 90 95

Asp Val Gly Ala Gln Ala Gly Gly Gly Ser His Ala Val Val Pro Gly
 100 105 110

Gly Gly Leu Asp Leu Leu Ala Glu Ala Glu Glu Gln Val Leu Gly Arg
 115 120 125

Leu Ile Gln Gly Ile Glu Gly Glu Pro Gly Ala Leu Gly Leu Phe Gly
 130 135 140

Leu Leu Gly Gly Gly Phe Gly His Gly Gly Phe Glu Phe Gly Leu Asp
 145 150 155 160

Val Gly Glu Gly Gly Leu Leu Gly Ala Thr Gly Ala Val Asp Ala Glu
 165 170 175

Ser Ala Ala Trp Val Asn Leu His Thr Val Thr Thr Ser Gly Gly Val
 180 185 190

Ile Ala Leu Gly Asp Gly Gly Pro Thr Leu Asp Glu Ile Gly Gly Leu
 195 200 205

Asn Gly His Gly Trp Arg Gly Gly Gly Asp Arg Val Cys Leu Arg Ser
 210 215 220

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

64/359

Thr Ser Lys Ala Arg Gly Leu Cys Pro Arg Asn Ser Pro Asn Arg Arg
 225 230 235 240
 Phe Thr Gly Cys Asn Lys Arg Pro Ala Pro Gly Gly Gly Pro Ala Ala
 245 250 255
 Ala Ala Gly Arg Arg Arg Arg Pro Ser Arg Arg Pro Pro Ala Ala Ala
 260 265 270
 Ala Pro Ala Arg Ala Pro Gly Pro Pro Pro His Lys Ala Gly Gly Thr
 275 280 285
 Gly Arg Gly Arg Ser Gln Ala Gly Ala Gly Arg Arg Pro Gln Thr Arg
 290 295 300
 Tyr His Pro Pro Ala Cys Ser Ala Trp Arg Arg Ser Thr Thr Pro Pro
 305 310 315 320
 Ser Arg Ala Trp Pro Pro Arg Arg Ala Arg Gly Pro Gly Ala Gln Ala
 325 330 335
 Gly Ala Leu Gln Asp Leu Leu Arg Val Pro Pro Ser Pro Ser Ala Ser
 340 345 350

Val

<210> 83
 <211> 106
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 5959 right: 6276 frame: 2 size(aa): 106

<400> 83

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

<210> 84

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

65/359

<211> 185
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 6027 right: 6581 frame: -1 size(aa): 185

<400> 84

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

<210> 85
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 6182 right: 6415 frame: 3 size(aa): 78

<400> 85

Arg	Arg	Cys	Pro	Gly	Gly	Arg	Arg	Gln	Ser	Cys	Arg	Gly	Pro	Gly	Trp	1	5	10	15

Arg Ser Gly Ser Pro Arg Arg Gly Gly Arg Thr Gly Pro Trp Ser Pro
20 25 30

Asp Ser Gly His Arg Arg Arg Thr Arg Cys Ala Trp Ala Leu Trp Ser
35 40 45

Ala Trp Arg Trp Leu Arg Ser Trp Gly Leu Arg Val Trp Thr Gly Cys
50 55 60

Gly Arg Gly Arg Pro Pro Arg Cys Asn Gly Cys Arg Arg Cys
65 70 75

<210> 86

<211> 51

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 6280 right: 6432 frame: 2 size(aa): 51

<400> 86

Phe Arg Ala Ser Lys Glu Asn Pro Val Arg Leu Gly Ser Leu Val Cys
1 5 10 15

Leu Ala Val Ala Ser Val Met Gly Ala Ser Ser Leu Asp Trp Met Trp
20 25 30

Ala Arg Ala Ala Ser Ser Val Gln Arg Val Pro Ser Met Leu Asn Arg
35 40 45

Pro Leu Gly
50

<210> 87

<211> 147

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 6517 right: 6957 frame: 2 size(aa): 147

<400> 87

Thr Val Met Gly Gly Glu Ala Val Glu Ile Val Ser Val Ser Val Pro
1 5 10 15

Leu Val Lys His Gly Gly Tyr Ala Leu Ala Ile Pro Arg Ile Asp Gly
20 25 30

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

Leu Gln Val Gly Gly Gly Asp Leu Leu Ala Val Leu Gln Pro Leu Gln
50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

67/359

His Arg Leu Glu Leu Arg Ala Arg Arg Leu Thr Lys Pro Ala Val Gln
65 70 75 80

Val Gly Val Gly Leu Arg Arg Gly Arg Gly Gly Gly Leu Lys Leu Ala
85 90 95

Thr Ile Leu Gln Leu Val Pro His Gly Ala Gly Arg Gln His His Arg
100 105 110

Ala Glu Pro Gly Pro His Asp Glu Leu Val Val Pro Ala Pro Arg Pro
115 120 125

Ala Arg Ser Arg Ile Cys Ser Gly Cys Arg Pro Arg His Arg Pro Leu
130 135 140

Cys Ser Arg
145

<210> 88
<211> 71
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 6524 right: 6736 frame: -3 size(aa): 71

<400> 88

Gly Gly Gly Pro Gly Ala Arg Ala Gly Ala Ala Ala Ala Gly Gly Arg
1 5 10 15

Arg Glu Gly Arg Arg Arg Arg Pro Ala Ala Ala Ala Gly Pro Pro Pro
20 25 30

Gly Ala Gly Arg Leu Leu Gln Pro Val Asn Arg Leu Phe Gly Glu Leu
35 40 45

Arg Gly His Ser Pro Arg Ala Leu Leu Val Glu Arg Arg Gln Thr Arg
50 55 60

Ser Pro Pro Pro Arg His Pro
65 70

<210> 89
<211> 126
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 6585 right: 6962 frame: -1 size(aa): 126

<400> 89

Ser Tyr Arg Leu His Arg Gly Arg Trp Arg Gly Arg His Pro Glu Gln
1 5 10 15

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

68/359

20					25					30					
Gly	Pro	Gly	Ser	Ala	Arg	Trp	Cys	Cys	Arg	Pro	Ala	Pro	Cys	Gly	Thr
		35					40					45			
Ser	Trp	Arg	Met	Val	Ala	Ser	Leu	Arg	Pro	Pro	Pro	Arg	Pro	Arg	Leu
	50					55					60				
Arg	Pro	Thr	Pro	Thr	Cys	Thr	Ala	Gly	Phe	Val	Arg	Arg	Arg	Ala	Arg
65					70					75					80
Ser	Ser	Ser	Arg	Cys	Cys	Ser	Gly	Trp	Arg	Thr	Ala	Arg	Arg	Ser	Pro
				85					90					95	
Pro	Pro	Thr	Cys	Ser	Gly	Cys	Gly	Pro	Ala	Ser	Gly	Ser	Arg	Ala	Phe
			100					105					110		
Val	Thr	Ala	Cys	Glu	Pro	Ser	Ile	Arg	Gly	Ile	Ala	Arg	Ala		
		115					120					125			

<210> 90

<211> 122

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 6616 right: 6981 frame: -2 size(aa): 122

<400> 90

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

<210> 91

<211> 248

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

69/359

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 6626 right: 7369 frame: 3 size(aa): 248

<400> 91

Gln Thr Pro Cys Ser Arg Arg Arg Ala Arg Ser Arg Cys Arg Ser Ala
1 5 10 15

Ala Ala Thr Phe Ser Pro Ser Ser Ser Arg Cys Ser Thr Gly Ser Ser
20 25 30

Ser Gly Pro Ala Ala Ser Gln Ser Arg Arg Tyr Arg Ser Gly Ser Val
35 40 45

Ser Gly Gly Gly Gly Ala Ala Ala Ser Asn Ser Leu Pro Ser Ser Ser
50 55 60

Leu Phe Arg Met Ala Pro Val Asp Asn Thr Thr Glu Gln Ser Leu Ala
65 70 75 80

Pro Thr Thr Ser Ser Trp Ser Arg Arg Pro Gly Arg Arg Ala Pro Gly
85 90 95

Ser Ala Pro Gly Ala Ala Leu Ala Ile Gly Leu Cys Val Val Gly Lys
100 105 110

Ile Ile Leu Gly Arg Lys Cys His Thr Asp Ala Ala Val Asp Lys Val
115 120 125

Asn His Thr Gly Asp Arg Phe Lys Asp Lys Thr His Pro Val Arg Ala
130 135 140

Phe Ile Val Thr Glu Ala Ala Asp Val Glu Leu Gly Gly Thr Leu Gln
145 150 155 160

Ala Asp Asp Pro Leu Leu Glu Gln Val Gly Val Arg Gln Gly Gly Ala
165 170 175

Val Glu Ser Pro Gly Val Val Pro Gly Asp Arg Cys Asp Gln Ala Gln
180 185 190

Val Ala Glu Asp Glu Pro Val Pro Ser Pro Ser Ala Gly Pro Asp Asp
195 200 205

Gly Arg Gly His Arg Leu Arg Val Ser Gln Pro Gly Leu Asp Pro Ala
210 215 220

Pro Gln Glu Asp Phe Leu Pro Ala Ser Glu Glu Gly Val Leu Pro Ser
225 230 235 240

Asp Val Glu Glu Gly Gln Val Val
245

<210> 92

<211> 203

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

70/359

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 6806 right: 7414 frame: -3 size(aa): 203

<400> 92

Arg	Cys	Ala	Met	Val	Ala	Gln	Pro	Pro	Arg	Pro	Thr	Leu	Val	Ser	Asp
1				5					10					15	

Asp	Leu	Pro	Phe	Leu	Asp	Ile	Ala	Gly	Lys	Tyr	Pro	Leu	Leu	Thr	Arg
			20					25					30		

Arg	Glu	Glu	Ile	Leu	Leu	Gly	Arg	Arg	Ile	Gln	Ala	Trp	Leu	Thr	His
		35					40					45			

Pro	Glu	Pro	Val	Pro	Pro	Ala	Ile	Val	Arg	Ser	Gly	Arg	Arg	Ala	Arg
	50					55					60				

Asp	Arg	Phe	Val	Leu	Cys	Asn	Leu	Arg	Leu	Val	Ala	Ser	Ile	Ala	Arg
65					70					75					80

Tyr	Tyr	Thr	Arg	Arg	Leu	Asp	Gly	Thr	Ser	Leu	Thr	Tyr	Ala	Asp	Leu
				85					90					95	

Leu	Gln	Glu	Gly	Val	Ile	Gly	Leu	Gln	Arg	Ser	Ala	Glu	Leu	Tyr	Ile
			100					105					110		

Arg	Ser	Phe	Cys	Asn	Asn	Lys	Cys	Thr	His	Arg	Met	Cys	Phe	Ile	Leu
		115					120					125			

Glu	Ser	Ile	Thr	Arg	Val	Ile	Tyr	Leu	Ile	His	Gly	Ser	Ile	Gly	Met
	130					135					140				

Thr	Leu	Thr	Ala	Gln	Asn	Asn	Leu	Thr	Asp	Tyr	Thr	Glu	Ala	Asp	Gly
145					150					155					160

Glu	Gly	Gly	Thr	Arg	Ser	Arg	Ser	Trp	Ser	Ala	Pro	Ala	Trp	Ala	Pro
				165					170					175	

Gly	Pro	Arg	Ala	Arg	Arg	Gly	Gly	Gln	Ala	Leu	Leu	Gly	Gly	Val	Val
			180					185					190		

Asp	Arg	Arg	His	Ala	Glu	Gln	Ala	Gly	Gly	Trp
		195					200			

<210> 93

<211> 392

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7068 right: 8243 frame: -1 size(aa): 392

<400> 93

Thr	Ala	Ser	Cys	Gly	Gln	Asp	Gln	Arg	Cys	Ala	Leu	Asp	Val	Val	Ser
1				5					10					15	

Phe	His	Val	Phe	Arg	Ser	Ser	Thr	Pro	Ser	Ile	Ala	His	Arg	Tyr	Ile

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

71/359

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

Ile Asp Arg Pro Val Leu His Pro Ala Thr Arg Arg His Leu Pro Asp
 355 360 365

Val Arg Arg Pro Ala Pro Gly Gly Gly His Arg Pro Ala Ala Phe Arg
 370 375 380

Arg Ala Leu His Pro Gln Leu Leu
 385 390

<210> 94

<211> 70

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7114 right: 7323 frame: 2 size(aa): 70

<400> 94

Pro Pro Pro Gly Ala Gly Arg Arg Thr Ser Gly Arg Cys Arg Arg Val
 1 5 10 15

Ala Gly Cys Ser Thr Gly Arg Ser Met Arg Pro Gly Ala Gly Cys Arg
 20 25 30

Gly Arg Thr Gly Pro Glu Pro Val Cys Arg Thr Gly Arg Trp Pro Gly
 35 40 45

Ala Pro Ala Pro Gly Glu Ser Ala Arg Leu Gly Ser Gly Ala Pro Gly
 50 55 60

Gly Phe Pro Pro Gly Glu
 65 70

<210> 95

<211> 96

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7275 right: 7562 frame: 1 size(aa): 96

<400> 95

Val Ser Gln Ala Trp Ile Arg Arg Pro Arg Arg Ile Ser Ser Arg Arg
 1 5 10 15

Val Arg Arg Gly Tyr Phe Pro Ala Met Ser Arg Lys Gly Arg Ser Ser
 20 25 30

Asp Thr Arg Val Gly Arg Gly Gly Cys Ala Thr Ile Ala Gln Arg Tyr
 35 40 45

Ala Thr His Asn Ala Glu Cys Pro Arg Thr Asp Pro Gln Pro Glu Gly
 50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

73/359

His Pro Val Arg Pro Ser Pro Gly Ala Val Gly Pro Arg Pro Ala Asp
65 70 75 80

Gln Gly Cys His Ala Gln His Arg Ala Ile Pro Arg Ala Glu Pro Gly
85 90 95

<210> 96

<211> 60

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7373 right: 7552 frame: 3 size(aa): 60

<400> 96

His Gln Gly Gly Ala Trp Arg Leu Cys Tyr His Ser Thr Ala Leu Cys
1 5 10 15

His Pro Gln Cys Arg Met Pro Ser Asn Gly Pro Ser Thr Arg Gly Ala
20 25 30

Pro Ser Thr Ala Gln Pro Gly Ser Ser Gly Pro Ser Pro Ser Gly Ser
35 40 45

Arg Val Pro Cys Ala Ala Pro Ser Asp Ser Thr Cys
50 55 60

<210> 97

<211> 268

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7402 right: 8205 frame: -2 size(aa): 268

<400> 97

Cys Arg Leu Val Ser Cys Leu Pro Val Leu Tyr Ser Gln His Ser Thr
1 5 10 15

Gln Ile His Arg Thr His Pro Thr Pro Gly Ala Asp Leu Glu Pro Val
20 25 30

Ala Leu Ala Glu Ser Asp Leu Leu Asp Asp Ala Asp Gln Leu Pro Val
35 40 45

Lys Gln Asp Pro Pro Leu Leu Gly Pro Gly Arg Thr Arg Trp Gly Val
50 55 60

Ala Gln Gly Ala Arg Met Leu Gln Val Gln Val Val Ala Pro Gly Leu
65 70 75 80

Gln Val Leu Asp Arg Asp Gly Ala Arg Glu Glu Arg Arg His Arg Leu
85 90 95

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


```

          100              105              110
Arg Leu Ala Ala Leu Ala Ala Ser Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ser Ala
    115              120              125

Trp Arg Arg Arg His Leu Ala Ala Ser Asp Ser Tyr Pro Gly Arg Arg
    130              135              140

Ile Ser Ala Ser Val Ser Arg Tyr Pro Gly Gly Ser Gly Ser Pro Ala
    145              150              155              160

Leu Ala Arg Ile Ser Val Gln Ser Cys Ile Gly Leu Leu Ala Gln Arg
    165              170              175

Leu Leu Gly His Gly Gly Ile Pro Gly Asp Val Val Pro Gly Val Val
    180              185              190

Leu Leu Gly Gln Ala Arg Asp Gln Ala Ala Asn Leu Gly Gly Asp Leu
    195              200              205

Val Gln Gly Leu Gly Leu Asn Arg Ala Gln His Val Glu Ser Leu Gly
    210              215              220

Ala Ala His Gly Thr Leu Asp Pro Leu Gly Glu Gly Pro Leu Leu Pro
    225              230              235              240

Gly Trp Ala Val Leu Gly Ala Pro Leu Val Glu Gly Pro Phe Glu Gly
    245              250              255

Ile Arg His Cys Gly Trp His Ser Ala Val Leu Trp
    260              265

```

<210> 98

<211> 101

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7408 right: 7710 frame: 2 size(aa): 101

<400> 98

```

His Ser Ala Met Pro Pro Thr Met Pro Asn Ala Leu Glu Arg Thr Leu
1              5              10              15

Asn Gln Arg Gly Thr Gln Tyr Gly Pro Ala Arg Glu Gln Trp Ala Leu
    20              25              30

Ala Gln Arg Ile Lys Gly Ala Met Arg Ser Thr Glu Arg Phe His Val
    35              40              45

Leu Ser Pro Val Glu Ala Glu Ala Leu Asp Gln Ile Ala Thr Lys Ile
    50              55              60

Ser Arg Leu Ile Ser Gly Leu Pro Glu Gln His Asp Thr Trp His Asp
    65              70              75              80

Ile Ala Gly Tyr Ala Thr Val Ala Glu Gln Ala Leu Arg Glu Glu Ala
    85              90              95

```


Asp Ala Gly Leu Asp
100

<210> 99
<211> 100
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 7601 right: 7900 frame: -3 size(aa): 100

<400> 99

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

<210> 100
<211> 153
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 7602 right: 8060 frame: 1 size(aa): 153

<400> 100

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

76/359

Pro Arg Arg Pro Ser Gly Ala Val Ser Arg Pro Arg Pro Gln Arg Pro
65 70 75 80

Gly Gln Arg Arg Pro Arg Arg Pro Ser Gly Gly Arg Asp Glu Gly Gly
85 90 95

Arg Arg Arg Ala His Gly Arg Arg Arg Pro Val Asp Val Gly Val Leu
100 105 110

Leu Ala Pro Arg His Gly Pro Arg Leu Gly Gly Leu Gly Gln Pro Pro
115 120 125

Val Pro Gly Ala Cys Gly Pro Pro Gly Arg Arg Pro Thr Gly Cys Gly
130 135 140

Leu Val Pro Gly Val Ala Asp Pro Ala
145 150

<210> 101

<211> 90

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7610 right: 7879 frame: 3 size(aa): 90

<400> 101

Ser Leu Ala Cys Pro Ser Ser Thr Thr Pro Gly Thr Thr Ser Pro Gly
1 5 10 15

Met Pro Pro Trp Pro Ser Arg Arg Cys Ala Arg Arg Pro Met Gln Asp
20 25 30

Trp Thr Glu Ile Leu Ala Arg Ala Gly Leu Pro Glu Pro Pro Gly Tyr
35 40 45

Arg Glu Thr Leu Ala Glu Met Arg Arg Pro Gly Tyr Glu Ser Glu Ala
50 55 60

Ala Lys Trp Arg Arg Leu Gln Ala Glu Ala Ala Ala Arg Ala Glu
65 70 75 80

Ala Ala Lys Ala Ala Lys Arg Arg Ala Arg
85 90

<210> 102

<211> 159

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 7714 right: 8190 frame: 2 size(aa): 159

<400> 102

Asp Pro Gly Gln Gly Gly Ala Pro Gly Ala Pro Arg Val Pro Gly Asp

$\langle 210 \rangle$	104
$\langle 211 \rangle$	70

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

78/359

<212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 7952 right: 8161 frame: -3 size(aa): 70

<400> 104

His	Thr	Asp	Thr	Ser	Asp	Ala	Pro	His	Pro	Gly	Ser	Gly	Pro	Gly	Ala
1				5				10					15		
Gly	Arg	Pro	Gly	Gly	Lys	Arg	Pro	Ala	Gly	Arg	Arg	Arg	Pro	Ala	Ala
			20					25					30		
Arg	Gln	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Pro	Gly	Thr	Arg	Pro	His	Pro	Val	Gly
		35					40					45			
Arg	Arg	Pro	Gly	Gly	Pro	His	Ala	Pro	Gly	Thr	Gly	Gly	Cys	Pro	Arg
	50					55					60				
Pro	Pro	Ser	Leu	Gly	Pro										
65					70										

<210> 105
 <211> 100
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 8064 right: 8363 frame: 1 size(aa): 100

<400> 105

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

<210> 106
 <211> 70
 <212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

79/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 8177 right: 8386 frame: 3 size(aa): 70

<400> 106

Arg	Thr	Gly	Arg	His	Glu	Thr	Arg	Arg	His	Gln	Gly	Arg	Thr	Ala	Asp
1				5					10					15	

Pro	Gly	His	Arg	Thr	Arg	Ser	Thr	Pro	Arg	Pro	Glu	Arg	Ala	Ala	Gln
			20					25					30		

Gly	Arg	Pro	Gly	Arg	Leu	Gly	Arg	Leu	Pro	Arg	His	Arg	Val	Arg	Gln
		35				40						45			

Pro	Gly	Gly	Gly	Ala	Thr	Gly	Thr	Trp	Arg	Arg	Thr	Thr	Arg	Val	Asn
	50					55					60				

Ala	Pro	Ser	Ala	Leu	Gly
65					70

<210> 107

<211> 89

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 8224 right: 8490 frame: 2 size(aa): 89

<400> 107

Ser	Trp	Pro	Gln	Asp	Ala	Val	Tyr	Pro	Pro	Thr	Arg	Thr	Ser	Arg	Pro
1				5					10					15	

Arg	Ala	Thr	Trp	Pro	Pro	Gly	Pro	Pro	Thr	Thr	Ala	Ser	Ser	Thr	Ser
			20					25					30		

Thr	Gly	Arg	Arg	Ser	His	Arg	His	Leu	Ala	Lys	Asn	His	Ala	Gly	Glu
		35					40					45			

Arg	Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Leu	Ile	Pro	Thr	Cys	Ala	Leu	Gly	Arg	Gly
	50					55					60				

Gly	Pro	Phe	Leu	Asp	Ala	Asp	His	Leu	Val	Ala	Asp	Pro	Leu	Arg	His
65					70					75				80	

Glu	His	Leu	Glu	Leu	Val	Val	Glu	Leu
				85				

<210> 108

<211> 95

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

80/359

<223> New ORF = left: 8247 right: 8531 frame: -1 size(aa): 95

<400> 108

Ser	Arg	Thr	Thr	Ser	Thr	Ala	Ser	Pro	Ser	Pro	Ala	Cys	Gln	Ser	Ser
1				5				10						15	

Thr	Thr	Ser	Ser	Arg	Cys	Ser	Cys	Arg	Arg	Gly	Ser	Ala	Thr	Arg	Trp
		20					25						30		

Ser	Ala	Ser	Arg	Lys	Gly	Pro	Pro	Arg	Pro	Arg	Ala	Gln	Val	Gly	Ile
		35				40						45			

Ser	Pro	Arg	Leu	Arg	Ala	Arg	Ser	Pro	Ala	Trp	Phe	Phe	Ala	Arg	Cys
	50					55					60				

Arg	Trp	Leu	Leu	Arg	Pro	Val	Asp	Val	Leu	Asp	Ala	Val	Val	Gly	Gly
65					70				75					80	

Pro	Gly	Gly	Gln	Val	Ala	Leu	Gly	Arg	Leu	Val	Arg	Val	Gly	Gly
			85					90					95	

<210> 109

<211> 656

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 8320 right: 10287 frame: -2 size(aa): 656

<400> 109

Ala	Gly	Ser	Ser	Arg	Pro	Thr	Ser	Arg	Pro	Pro	Ala	Ala	Ser	Ser	Arg
1				5				10					15		

Ser	Ser	Arg	Arg	Cys	Pro	Pro	Ala	Gly	Ser	Ser	Gly	Ser	Ala	Pro	Glu
		20						25					30		

Pro	Asp	Ala	Arg	Arg	His	Pro	Gly	Pro	Gly	Gly	Arg	Arg	Arg	Arg	Pro
		35					40					45			

Asp	Arg	Arg	Arg	Ala	Ala	Pro	Gly	Pro	Gly	Pro	Gly	Val	Leu	Arg	Gly
50						55					60				

Ala	Gly	Ala	Gly	Arg	His	Leu	Pro	Ala	Gly	Arg	Arg	Gly	Asp	Pro	Gly
65					70				75					80	

Gly	Arg	Cys	Gly	Val	Asp	Gly	Leu	Ser	Val	Gly	Val	Gly	Gly	Val	Thr
			85					90						95	

Val	Thr	Pro	Gln	Gln	Leu	Val	Ala	Val	Ala	Arg	Asp	Thr	Gly	Phe	Arg
			100					105					110		

Thr	Phe	Pro	Gly	Leu	Leu	Arg	Lys	Ala	Ser	Gly	Gln	Pro	Tyr	Thr	Ile
		115					120					125			

Gly	Thr	Ala	Thr	Ala	Ala	Phe	Gln	Gln	Gly	Gln	Thr	Lys	Leu	Ile	Glu
		130				135					140				

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

82/359

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

<210> 110

<211> 144

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 8378 right: 8809 frame: -3 size(aa): 144

<400> 110

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

83/359

65				70				75				80			
Pro	Val	Pro	Gln	Gly	Pro	Val	Leu	Gly	Asp	Ile	Arg	Ser	Arg	Gly	Gln
				85					90					95	
Pro	Pro	Arg	Arg	Pro	His	Leu	Gln	His	Val	Lys	Val	Arg	Arg	Arg	Ala
				100				105					110		
Arg	Gly	Ala	His	Ala	Gly	Gly	Gly	Pro	Leu	Arg	Gly	Gly	Pro	His	Arg
							120					125			
Gly	Arg	Gly	His	Pro	Gly	Gln	Glu	Arg	Arg	Trp	Val	Ser	Ala	Gln	Gly
						135					140				

```
<210> 111
<211> 90
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 8494 right: 8763 frame: 2 size(aa): 90
```

<400> 111

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

<210>	112
<211>	93
<212>	PRT
<213>	Cyanophage S-2L

```
<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 8544 right: 8822 frame: -1 size(aa): 93
```

<400> 112

Pro	Ile	Leu	Val	Ser	Arg	Trp	Pro	Gly	Ser	Arg	Cys	Pro	Thr	Thr	Gly
1				5					10					15	
Trp	Gln	Thr	Tyr	Ser	Thr	Arg	Pro	Thr	Gly	Ser	Arg	Thr	Ser	Ser	Arg
			20					25					30		

Arg Arg Pro Ser Thr Lys Ala Ala Arg Pro Thr Gly Ala Cys Ala Thr
 35 40 45

Thr Ala Lys Arg Pro Ser Arg Arg Thr Ser Ala Ala Ser Glu Pro Gly
 50 55 60

Ser Arg Arg Ser Arg Trp Lys Ala Gly Pro Pro Thr Ser Arg Cys Pro
 65 70 75 80

Thr Gly Ser Thr Pro Cys Thr Ala Arg Thr Gly Thr Arg
 85 90

<210> 113
 <211> 54
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 8717 right: 8878 frame: 3 size(aa): 54

<400> 113

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

Arg Ser Ala Ser Arg Ser Ser Asp Ile Cys Phe Leu Ala Ile Cys Leu
 20 25 30

Pro Lys Ser Val Arg Ser Met Pro Arg Ala Trp Ala Ala Phe Thr Trp
 35 40 45

Ala Val Arg Ile Ser Val
 50

<210> 114
 <211> 67
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 8736 right: 8936 frame: 1 size(aa): 67

<400> 114

Ser Pro Arg Ala Gly Arg Pro Cys Arg Val Gly Leu Pro Ala Gly Arg
 1 5 10 15

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

Cys Pro Gly Pro Gly Arg Pro Ser Pro Gly Arg Cys Gly Ser Arg Cys
 35 40 45

Asn Gln Ser Arg Ser Ser Arg Ala Arg Arg Pro Gly Ala Trp Cys Gly
 50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

85/359

Thr Cys Ala
65

<210> 115
<211> 436
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 8767 right: 10074 frame: 2 size(aa): 436

<400> 115

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

86/359

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

<210>	116
<211>	131
<212>	PRT
<213>	Cyanophage S-2L

```
<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 8856 right: 9248 frame: -1 size(aa): 131
```

<400> 116

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

Ser Pro Gly Arg His Val Val Pro Ala Arg Pro Gln Pro Arg Pro Pro
65 70 75 80

His Arg Arg His Arg Pro Gly Cys Ile Leu Arg Cys Val Pro Val Val
85 90 95

Ile Ala Thr Pro Gln Pro Thr Ser Ser Thr Ser Thr Ala Pro Ser Thr
100 105 110

Gly Pro Ser Cys Ala Thr Gly Pro Ala Leu Val Thr Pro Arg Ser Ala
115 120 125

Pro Pro Arg
130

<210> 117

<211> 174

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 8882 right: 9403 frame: 3 size(aa): 174

<400> 117

Pro Glu Pro Val Gln Ser Arg Thr Thr Ala Arg Cys Leu Val Arg Tyr
1 5 10 15

Leu Cys Leu Met Ser Val Val Val Ser Leu Leu Arg Arg Ala Arg Thr
20 25 30

Ser Glu Tyr Ser Leu Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly
35 40 45

Ala Gly Arg Ala Arg Arg Gly Ala Arg Val Thr Thr Gly Gly Ala Gly
50 55 60

Ala Gly Gly Gly Ala Thr Gly Ala Gly Trp Thr Asn Gly Gly Ala Thr
65 70 75 80

Thr Gly Phe Gly Ala Leu Gly Phe Gly Leu Gly Phe Gly Gly Gly Ala
85 90 95

Gly Phe Leu Thr Leu Pro Gly Arg Arg Ser Ser Thr Thr Ala Pro Trp
100 105 110

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

Ala Arg Arg Ala Leu Val Pro Ser Thr Ala Trp Ala Val Ser Ser Leu
130 135 140

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

Arg Thr Gln Tyr Cys Trp Pro Leu Ile Leu Arg Gly Val Leu
165 170

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

88/359

<210> 118
 <211> 136
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 8981 right: 9388 frame: -3 size(aa): 136

<400> 118

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

<210> 119
 <211> 52
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 9228 right: 9383 frame: 1 size(aa): 52

<400> 119

Arg Thr Cys Pro Trp Gly Arg Ser Ala Ser Gly Thr Gly Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 Pro Trp Cys Arg Ala Pro Pro Gly Arg Phe Arg Arg Trp Thr Ala Ala
 20 25 30
 Ala Ser Pro Arg Arg Cys Pro Arg Gly Cys Pro Gly Ala Gly Pro Asn
 35 40 45
 Thr Ala Gly Arg

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

89/359

50

<210> 120
 <211> 88
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 9252 right: 9515 frame: -1 size(aa): 88

<400> 120

Ala	Thr	Pro	Trp	Ala	Pro	Cys	Arg	Arg	Pro	Thr	Ser	Asn	Arg	Cys	Arg
1				5					10					15	
Cys	Ser	Thr	Thr	Pro	Arg	Ala	Asn	Asp	Cys	Pro	Arg	Arg	Pro	Ala	Gly
			20					25					30		
Pro	Gly	Arg	Pro	Pro	Thr	Arg	Arg	Pro	Val	Arg	Ser	Thr	Ala	Ser	Ser
			35				40					45			
Ile	Gly	Ser	Gly	Ala	Gly	Thr	Thr	Pro	Gly	Ala	Pro	Ser	Gly	Arg	Cys
	50					55				60					
Cys	Ser	Gly	Pro	Thr	Thr	Lys	Pro	Pro	Arg	Arg	Cys	Ser	Ala	Pro	Arg
65					70				75						80
Pro	Ala	Trp	Pro	Gly	Ser	Gly	Ser								
				85											

<210> 121
 <211> 106
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 9392 right: 9709 frame: -3 size(aa): 106

<400> 121

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

Asp Arg Gly Gly Arg Leu Gln Asp Ala Pro
 100 105

<210> 122
 <211> 56
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 9488 right: 9655 frame: 3 size(aa): 56

<400> 122

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

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

Ser Leu Tyr Leu Val Pro Ser Ser Gly Ala His Thr Gly Gln Ser Arg
 35 40 45

Pro Ser Leu Leu Ala Ser Gln Met
 50 55

<210> 123
 <211> 114
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 9519 right: 9860 frame: -1 size(aa): 114

<400> 123

Ser Arg Pro Gly Ser Gly Arg Ala Ser Ser Cys Pro Asn Pro Thr Pro
 1 5 10 15

Arg Ser Ser Pro Thr Ser Gly Arg Arg Trp Pro Arg Pro Thr Ala Gly
 20 25 30

Arg Trp Lys Pro Trp Ser Val Arg Arg Trp Pro Arg Pro Ala Arg Arg
 35 40 45

Arg Met Thr His Ser Thr Arg Pro Thr Arg Thr Ser Trp Glu Thr Arg
 50 55 60

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

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

Pro Pro Gly Arg Pro Thr Gly Thr Ser Gly Ala Gly Ser Cys Arg Ser
 100 105 110

Pro Arg

<210> 124
 <211> 58
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 9528 right: 9701 frame: 1 size(aa): 58

<400> 124

Ala Ala Gly Ser Gly Thr Ala Arg Ser Ser Gly Pro Ala Arg Gly Pro
 1 5 10 15

Ser Cys Ala Pro Cys Thr Trp Cys Arg Arg Ala Gly Arg Thr Pro Gly
 20 25 30

Arg Ala Gly Arg Arg Cys Trp Arg Pro Arg Cys Ser Gly Cys Arg Pro
 35 40 45

Cys Leu Pro Gly Arg Pro Arg Trp Pro Arg
 50 55

<210> 125
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 9659 right: 9910 frame: 3 size(aa): 84

<400> 125

Arg Leu Pro Ser Leu Ser Pro Arg Thr Ser Ser Leu Ala Ser Leu Asn
 1 5 10 15

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

Ala Ser Thr Cys Arg Arg Leu Ala Val Ala Ile Ala Val Arg Thr Ser
 35 40 45

Ala Thr Ile Ser Glu Leu Asp Leu Asp Arg Arg Lys Pro Ser Arg Ser
 50 55 60

Arg Ala Ser Ile Ser Phe Val Cys Pro Cys Trp Asn Ala Ala Val Ala
 65 70 75 80

Val Pro Met Val

<210> 126
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 9705 right: 9995 frame: 1 size(aa): 97

<400> 126

Met Arg His Ala Pro Ser Gly Trp Pro Gly Pro Ser Thr Tyr Gly Pro
1 5 10 15

Gly Leu Pro Pro Ala Gly Gly Trp Pro Trp Pro Ser Pro Ser Gly Arg
20 25 30

Arg Arg Arg Ser Arg Ser Trp Ile Trp Thr Gly Gly Ser Pro Pro Gly
35 40 45

Ala Gly Pro Arg Ser Ala Ser Ser Ala Pro Ala Gly Met Gln Arg Ser
50 55 60

Pro Cys Arg Trp Cys Arg Ala Gly Pro Thr Pro Ser Gly Gly Ala Gln
65 70 75 80

Gly Met Ser Gly Ser Pro Tyr Pro Gly Arg Arg Pro Pro Ala Ala Ala
85 90 95

Gly

<210> 127

<211> 160

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 9713 right: 10192 frame: -3 size(aa): 160

<400> 127

Thr Arg Arg Ser Pro Ser Ser Arg Pro Arg Trp Pro Pro Ser Ala Thr
1 5 10 15

Gly Ser Thr Pro Cys Cys Pro Arg Pro Arg Pro Arg Arg Ser Pro Arg
20 25 30

Gly Trp Cys Arg Pro Thr Pro Thr Cys Gly Pro Ser Gly Arg Pro Arg
35 40 45

Trp Pro Leu Arg Arg Arg Arg Pro Leu Gly Gly Arg Arg Gly Arg His
50 55 60

Gly His Pro Ala Ala Ala Gly Gly Arg Arg Pro Gly Tyr Gly Leu Pro
65 70 75 80

Asp Ile Pro Trp Ala Pro Pro Glu Gly Val Gly Pro Ala Leu His His
85 90 95

Arg His Gly Asp Arg Cys Ile Pro Ala Gly Ala Asp Glu Ala Asp Arg
100 105 110

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

93/359

Gly Pro Ala Pro Gly Gly Leu Pro Pro Val Gln Ile Gln Leu Arg Asp
 115 120 125

Arg Arg Arg Arg Pro Asp Gly Asp Gly His Gly Gln Pro Pro Ala Gly
 130 135 140

Gly Ser Pro Gly Pro Tyr Val Asp Gly Pro Gly Gln Pro Asp Gly Ala
 145 150 155 160

<210> 128

<211> 223

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 9864 right: 10532 frame: -1 size(aa): 223

<400> 128

Arg Ser Gly Arg Pro Ala Asn Gly Cys Pro Thr Ala Trp Thr Ser Arg
 1 5 10 15

Ser Ser Gly Thr Pro Ser Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Pro Arg Arg
 20 25 30

Ser Ser Thr Arg Arg Pro Thr Pro Arg Ile Arg Arg Pro Thr Arg Lys
 35 40 45

Pro Thr Arg Arg Pro Thr Pro Arg Arg Leu Thr Ser Glu Ser Pro Gly
 50 55 60

Pro Gly Arg Pro Gly Pro Val Arg Pro Pro Gln Pro Leu Glu Ser Gly
 65 70 75 80

Ala Glu Pro Asp Pro Pro Asp Leu Arg Ala Gly His Pro Pro His Pro
 85 90 95

Arg Gly Ala Pro Asp Ala Ala Arg Arg Pro Ala Arg Ala Ala Val Arg
 100 105 110

Leu Asn Gln Thr Leu Ala Val Ile Gln Ala Gln Val Ala Ala Val Gly
 115 120 125

Asp Arg Ile Asp Ala Val Leu Pro Pro Ala Gln Ala Gln Ala Phe Ser
 130 135 140

Glu Gly Leu Val Gln Ala Asp Thr Tyr Leu Arg Ala Val Gly Ala Thr
 145 150 155 160

Pro Val Ala Val Ala Ala Ser Thr Ala Ser Arg Trp Ala Ser Gly Ala
 165 170 175

Ser Arg Ser Pro Arg Ser Ser Trp Trp Pro Ser Pro Gly Ile Arg Ala
 180 185 190

Ser Gly His Ser Leu Gly Ser Ser Gly Arg Arg Arg Ala Ser Pro Thr
 195 200 205

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

94/359

Pro Ser Ala Arg Arg Pro Leu His Ser Ser Arg Gly Arg Arg Ser
 210 215 220

<210> 129

<211> 87

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 9914 right: 10174 frame: 3 size(aa): 87

<400> 129

Gly Trp Pro Asp Ala Phe Arg Arg Ser Pro Gly Asn Val Arg Lys Pro
 1 5 10 15

Val Ser Arg Ala Thr Ala Thr Ser Cys Cys Gly Val Thr Val Thr Pro
 20 25 30

Pro Thr Pro Thr Glu Arg Pro Ser Thr Pro Gln Arg Pro Pro Gly Ser
 35 40 45

Pro Arg Arg Pro Ala Gly Arg Cys Arg Pro Ala Pro Ala Pro Arg Arg
 50 55 60

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

Arg Arg Pro Pro Gly Pro Gly
 85

<210> 130

<211> 88

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10005 right: 10268 frame: 1 size(aa): 88

<400> 130

Arg Pro Arg Arg Pro Pro Arg Gly Arg Arg Arg Arg Asn Gly His Arg
 1 5 10 15

Gly Arg Pro Asp Gly Pro Gln Val Gly Val Gly Leu His Gln Pro Leu
 20 25 30

Gly Glu Arg Leu Gly Leu Gly Arg Gly Gln His Gly Val Asp Pro Val
 35 40 45

Ala Asp Gly Gly His Leu Gly Leu Asp Asp Gly Glu Arg Leu Val Gln
 50 55 60

Ala His Cys Arg Ser Ser Arg Pro Ala Gly Ser Val Trp Ser Ser Ser
 65 70 75 80

Arg Met Arg Arg Val Ala Cys Ser

85

<210> 131
 <211> 522
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 10078 right: 11643 frame: 2 size(aa): 522

<400> 131

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

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

<210> 132

<211> . 134

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10178 right: 10579 frame: 3 size(aa): 134

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

97/359

<400> 132

Arg Arg Ala Ser Gly Ser Gly Ala Leu Pro Leu Glu Pro Ala Gly Gly
 1 5 10 15

Gln Arg Leu Glu Leu Leu Glu Asp Ala Ala Gly Gly Leu Leu Val Gly
 20 25 30

Arg Glu Asp Pro Ala Gln Arg Leu Ile Arg Glu Ala Ala Glu Gly Glu
 35 40 45

Leu Val Pro Asp Asp Gln Gly Leu Gly Ile His Ser Ser Val Ser Gly
 50 55 60

Gly Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Ser Ala Ser Gly Ser Gly Val
 65 70 75 80

Ser Ala Ser Gly Ser Ser Ser Ser Ser Val Ser Ser Ala Ser Ser Pro
 85 90 95

Ser Met Val Ser Arg Ser Ser Ser Thr Ser Thr Leu Ser Gly Ser His
 100 105 110

Ser Pro Val Cys Gln Thr Val Arg Lys Val Ser Arg Ser Met Pro Pro
 115 120 125

Ser Met Tyr Ala Leu Arg
 130

<210> 133

<211> 54

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10196 right: 10357 frame: -3 size(aa): 54

<400> 133

Arg Val Asn Pro Gln Ala Leu Val Val Arg Asp Gln Phe Ala Leu Arg
 1 5 10 15

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

Ala Thr Arg Arg Ile Leu Glu Glu Leu Gln Thr Leu Pro Ala Gly Arg
 35 40 45

Leu Glu Arg Gln Cys Ala
 50

<210> 134

<211> 92

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

98/359

<223> New ORF = left: 10299 right: 10574 frame: 1 size(aa): 92

<400> 134

Phe	Glu	Arg	Leu	Arg	Arg	Ala	Asn	Trp	Ser	Arg	Thr	Thr	Arg	Ala	Trp
1				5					10					15	

Gly	Phe	Thr	Arg	Gln	Ser	Pro	Gly	Gly	Arg	Pro	Pro	Gly	Arg	Leu	Pro
			20					25					30		

Gly	Arg	Pro	Pro	Asp	Pro	Gly	Cys	Arg	Pro	Pro	Gly	Arg	Ala	Pro	Pro
		35					40					45			

Arg	Ser	Pro	Arg	Pro	Pro	Arg	Pro	Arg	Trp	Cys	Pro	Gly	Ala	Pro	Arg
	50					55					60				

Arg	Pro	Arg	Cys	Arg	Ala	Ala	Ile	Arg	Arg	Ser	Ala	Arg	Pro	Ser	Gly
65					70					75					80

Arg	Ser	Pro	Gly	Arg	Cys	Arg	His	Arg	Cys	Thr	Pro
			85						90		

<210> 135

<211> 445

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10354 right: 11688 frame: -2 size(aa): 445

<400> 135

Thr	Ala	Val	His	Arg	Ala	Gly	Leu	Pro	Gly	Gly	Val	His	Pro	Leu	Pro
1				5					10					15	

Gly	Pro	Pro	Asp	Pro	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	Ile	Leu	Arg	Lys	Pro	Ile
			20					25					30		

Gln	Leu	Gln	Gly	Gly	Asp	Glu	Ala	Tyr	Trp	Glu	Glu	Trp	Arg	Lys	Asp
		35					40					45			

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

Gly	Leu	Ala	Ile	Ser	Tyr	Gly	His	Ser	Ser	Val	Leu	Ala	Asp	Tyr	Thr
65					70					75					80

Ser	Glu	Glu	Arg	Gln	Ser	Leu	Leu	Asp	Gln	Arg	Leu	Ala	Gly	Asp	Lys
				85					90					95	

Pro	Phe	Leu	Val	Gln	Val	Pro	Cys	Trp	Ala	Thr	Ile	Gly	Arg	Arg	His
			100					105					110		

Asn	Pro	Arg	Glu	Gly	Ser	Gly	Leu	Gln	Gln	Val	Arg	Ile	Arg	Glu	Tyr
		115					120					125			

Val	Glu	Val	Pro	Ala	Gly	Lys	Tyr	Gly	Val	Asn	Val	Glu	Glu	Gln	Ile
	130					135					140				

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

99/359

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

<210> 136

<211> 79

<212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

100/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10361 right: 10597 frame: -3 size(aa): 79

<400> 136

Gly Gly Gly Gly Ala Leu Pro Gln Gly Val His Arg Trp Arg His Arg
1 5 10 15

Pro Gly Asp Leu Pro Asp Gly Leu Ala Asp Arg Arg Met Ala Ala Arg
20 25 30

Gln Arg Gly Arg Arg Gly Ala Pro Gly His His Arg Gly Arg Gly Gly
35 40 45

Arg Gly Asp Arg Gly Gly Ala Arg Pro Gly Gly Arg His Pro Gly Ser
50 55 60

Gly Gly Arg Pro Gly Ser Arg Pro Gly Gly Arg Pro Pro Gly Asp
65 70 75

<210> 137

<211> 186

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10583 right: 11140 frame: 3 size(aa): 186

<400> 137

Ser Ser Ala Ser Ser Leu Val Ser Leu Ala Trp Ser Lys Ser Leu Ser
1 5 10 15

Met Thr Thr Val Asp Ala Ser Arg Pro Val Tyr Ser Pro His Gln Phe
20 25 30

Met Thr Ile Trp Ser Val Glu Ala Arg Ser Arg Ala Met Thr Glu Ser
35 40 45

Met Leu Leu Asp Ser Ala Arg Ser Ser Val Leu Ala Pro Ser Val Ser
50 55 60

Trp Lys Val Cys Cys Trp Val Arg Thr Glu Met Pro Ser Trp Val Ile
65 70 75 80

Cys Ser Leu Ser Thr Ser Ser Ser Phe Trp Cys Ala Ser Gln Leu Ala
85 90 95

Pro Val Ile Ser Gln Tyr Leu Glu Pro Pro Pro Met Gly Tyr Cys Lys
100 105 110

Ala Leu Leu Thr Glu Ser Pro Ile Ser Pro Ser Val Leu Val Gly Ser
115 120 125

Arg Ser Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro Ser Gln Pro Thr Met Ser

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

101/359

130

135

140

Arg Met Gly Trp Pro Ala Ile Val Ser Thr Trp Val Arg Ser Leu Arg
 145 150 155 160

Arg Trp Lys Trp Ala Arg Leu Arg Trp Ala Gln Ser Ser Ser Gly Gly
 165 170 175

Arg Leu Ser Ser Thr Pro Ser Phe Trp Leu
 180 185

<210> 138

<211> 119

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10680 right: 11036 frame: -1 size(aa): 119

<400> 138

Arg Leu Pro Ala Ser Pro Ser Leu Thr Trp Ser Ala Gly Arg Ala Thr
 1 5 10 15

Thr Thr Arg Arg Pro Thr Thr Trp Thr Arg Pro Thr Pro Met Ala Arg
 20 25 30

Ser Gly Ser Arg Ser Thr Ala Pro Cys Ser Thr Pro Ser Val Gly Ala
 35 40 45

Pro Ser Ile Ala Arg Ser Pro Gly Pro Ala Ala Arg Arg Thr Arg Lys
 50 55 60

Asn Trp Arg Cys Ser Arg Ser Arg Ser Pro Ser Trp Ala Ser Arg Ser
 65 70 75 80

Ser Pro Ser Ser Arg Pro Ser Lys Arg Pro Arg Gly Pro Arg His Leu
 85 90 95

Thr Gly Pro Asn Pro Thr Ala Cys Ser Arg Ser Ser Pro Glu Thr Trp
 100 105 110

Pro Arg Arg Ser Arg Ser Ser
 115

<210> 139

<211> 87

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 10751 right: 11011 frame: -3 size(aa): 87

<400> 139

His Gly Arg Leu Gly Gly Arg Arg Arg Arg Gly Gly Arg Arg Pro Gly
 1 5 10 15

Pro Asp Gln His Arg Trp Arg Asp Arg Ala Leu Gly Gln Gln Arg Leu
 20 25 30

Ala Val Pro His Arg Trp Gly Leu Gln Val Leu Arg Asp His Arg Gly
 35 40 45

Gln Leu Arg Gly Ala Pro Glu Arg Thr Gly Gly Ala Gln Gly Ala Asp
 50 55 60

His Pro Ala Gly His Leu Gly Pro His Pro Ala Ala Asp Leu Pro Arg
 65 70 75 80

Asp Arg Gly Gly Gln Asp Thr
 85

<210> 140
 <211> 51
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 10929 right: 11081 frame: 1 size(aa): 51

<400> 140

Pro Arg Ala Arg Ser Arg His Arg Cys Trp Ser Gly Pro Gly Arg Arg
 1 5 10 15

Pro Pro Arg Arg Arg Arg Pro Pro Ser Arg Pro Cys Gln Gly Trp Ala
 20 25 30

Gly Arg Gln Ser Ser Ala Pro Gly Ser Gly Arg Cys Ala Val Gly Asn
 35 40 45

Gly Pro Gly
 50

<210> 141
 <211> 152
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 11015 right: 11470 frame: -3 size(aa): 152

<400> 141

Leu Gly Pro Gly Arg Leu His Gln Arg Gly Thr Pro Glu Pro Ala Arg
 1 5 10 15

Pro Ala Ala Gly Arg Gly Gln Ala Ile Ser Gly Ala Gly Ala Leu Leu
 20 25 30

Gly His His Arg Pro Pro Ala Gln Pro Pro Gly Gly Leu Arg Pro Pro
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

103/359

Ala Gly Ala Asp Pro Gly Val Arg Arg Gly Ala Arg Arg Gln Val Arg
 50 55 60

Gly Gln Arg Arg Gly Ala Asp Pro Gly Ala Asp Pro Gly Arg Leu Arg
 65 70 75 80

Gly Ala Ala Pro Asp Arg His Arg Leu Gly Glu Gly Arg Gly Arg Glu
 85 90 95

Arg Arg His His Thr Gln Arg Asp Pro Pro Gly His Asp Leu Gln Pro
 100 105 110

Lys Gly Gly Gly Ala Ala Gln Pro Ala Pro Ala Arg Gly Leu Arg Pro
 115 120 125

Ser Gln Pro Gly Pro Phe Pro Thr Ala Gln Arg Pro Asp Pro Gly Ala
 130 135 140

Asp Asp Cys Arg Pro Ala His Pro
 145 150

<210> 142
 <211> 55
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 11052 right: 11216 frame: -1 size(aa): 55

<400> 142

Pro Ala Pro Pro Gly Arg Arg Ser Arg Thr Arg Ala Ala Thr Pro His
 1 5 10 15

Ser Lys Arg Ser Pro Trp Pro Arg Pro Thr Ala Lys Arg Arg Gly Cys
 20 25 30

Cys Ser Ala Gly Pro Arg Ser Arg Thr Ala Pro Ile Ser Thr Trp Pro
 35 40 45

Ile Ser Asn Gly Ala Ala Thr
 50 55

<210> 143
 <211> 72
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 11237 right: 11452 frame: 3 size(aa): 72

<400> 143

Ala Pro Gly Val Ser Thr Arg Ile Cys Ser Ser Thr Leu Thr Pro Tyr
 1 5 10 15

Leu Pro Ala Gly Thr Ser Thr Tyr Ser Arg Ile Arg Thr Cys Trp Arg

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

104/359

20

25

30

Pro Glu Pro Ser Arg Gly Leu Cys Arg Arg Pro Met Val Ala Gln Gln
 35 40 45

Gly Thr Cys Thr Arg Asn Gly Leu Ser Pro Ala Ser Arg Trp Ser Ser
 50 55 60

Arg Leu Trp Arg Ser Ser Leu Val
 65 70

<210> 144

<211> 84

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 11250 right: 11501 frame: -1 size(aa): 84

<400> 144

Arg Ser Gly Trp Pro Ser Leu Thr Gly Ile Ala Arg Ser Trp Pro Thr
 1 5 10 15

Thr Pro Ala Arg Asn Ala Arg Ala Cys Ser Thr Ser Gly Trp Pro Gly
 20 25 30

Thr Ser His Phe Trp Cys Arg Cys Pro Ala Gly Pro Pro Ser Ala Ala
 35 40 45

Gly Thr Thr Pro Gly Arg Ala Pro Ala Ser Ser Arg Cys Gly Ser Gly
 50 55 60

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

Arg Ser Gly Cys

<210> 145

<211> 239

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 11277 right: 11993 frame: 1 size(aa): 239

<400> 145

Pro Arg Thr Cys Arg Arg Ala Pro Arg Arg Thr Pro Gly Ser Ala Pro
 1 5 10 15

Ala Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gly Gly Cys Ala Gly Gly Arg Trp Trp
 20 25 30

Pro Ser Arg Ala Pro Ala Pro Glu Met Ala Cys Pro Arg Pro Ala Ala
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

105/359

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

<210> 146

<211> 52

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 11474 right: 11629 frame: -3 size(aa): 52

<400> 146

Ser Gly Gly Arg Arg Pro Asp Pro Pro Glu Ala Asp Pro Ala Ala Gly
 1 5 10 15
 Gly Arg Arg Gly Leu Leu Gly Gly Val Ala Gln Arg Arg Gly Pro Ser
 20 25 30
 Gly Leu Leu Pro Gly Arg Leu Arg Pro Gly Asn Ala Arg Ala Gly His
 35 40 45
 Leu Leu Arg Ala
 50

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

106/359

<210> 147
 <211> 128
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 11570 right: 11953 frame: 3 size(aa): 128

<400> 147

Ala Ser Ser Pro Pro Cys Ser Trp Ile Gly Phe Arg Arg Ile Arg Pro
 1 5 10 15

Ala Pro Pro Gly Ser Gly Gly Pro Gly Arg Gly Cys Thr Pro Pro Gly
 20 25 30

Arg Pro Ala Arg Cys Thr Ala Val Tyr Ala Pro Gly Gly Thr Gly Ala
 35 40 45

Gly Ser Asn Arg Arg Thr Pro Gly Gly Thr Gly Arg Pro Pro Gly Trp
 50 55 60

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

Val Arg Ser Gly Arg Pro Ala Pro Gly Ser Leu Leu Pro Ala Leu Pro
 85 90 95

Arg Pro Gly Pro Arg Asp Ser Gly Pro Cys Asp Pro Ala Ser Arg Gly
 100 105 110

Arg Asp Pro Ser Gly Arg Arg Arg Ala Ser Gln Ser Tyr Pro Gly Ala
 115 120 125

<210> 148
 <211> 186
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 11613 right: 12170 frame: -1 size(aa): 186

<400> 148

Pro Pro Thr Ala Ser Ala Thr Ile Ala Phe Thr Pro Gly Ala Arg Arg
 1 5 10 15

Pro Ser Arg Ala Ser Glu Ala Ser Ala Ser Arg Arg Gly Pro Arg Ala
 20 25 30

Ser Pro Ser Thr Arg Ser Pro Gly Ser Ser Thr Gly Arg Thr Ala Trp
 35 40 45

Gly Thr Trp Pro Cys Arg Pro Ala Thr Ala Ser Arg Ala Gly Val Pro
 50 55 60

Ala Leu Pro Thr Ser Arg Trp Ser Lys Leu Arg Gly Met Thr Glu Thr

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

107/359

65					70						75				80
Pro	Ser	Ser	Ala	Pro	Met	Asp	Pro	Ala	Leu	Gly	Trp	Arg	Asp	His	Thr
				85					90					95	
Val	Leu	Asn	Pro	Glu	Ala	Leu	Ala	Glu	Ala	Lys	Leu	Gly	Gly	Asp	Ser
			100					105					110		
Leu	Ala	Pro	Asp	Asp	Pro	Asn	Glu	Pro	Asp	Leu	Thr	Tyr	Arg	Val	Met
		115					120					125			
Leu	Arg	Arg	Trp	Glu	Val	Ile	Arg	Ala	Asn	Leu	Glu	Gly	Val	Arg	Tyr
	130					135					140				
Leu	Arg	Ala	Phe	Cys	Asp	Tyr	Tyr	Leu	Pro	Arg	Phe	Pro	Arg	Glu	Arg
145					150					155					160
Lys	Arg	Gln	Tyr	Ile	Gly	Arg	Val	Ser	Arg	Ala	Val	Tyr	Thr	Pro	Tyr
				165					170					175	
Leu	Ala	Arg	Leu	Ile	Arg	Gly	Ala	Pro	Ala						
			180					185							

<210> 149
 <211> 81
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 11692 right: 11934 frame: -2 size(aa): 81

<400> 149

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

Ala

<210> 150
 <211> 438
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 11890 right: 13203 frame: 2 size(aa): 438

<400> 150

```

Ser Arg Gln Pro Arg Ala Gly Ser Ile Gly Ala Glu Glu Gly Val Ser
1          5          10          15

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

Pro Ala Leu Asp Ala Val Ala Gly Arg Gln Gly Gln Val Pro Gln Ala
          35          40          45

Val Arg Pro Val Leu Asp Pro Gly Leu Leu Val Asp Gly Glu Ala Leu
          50          55          60

Gly Pro Leu Leu Asp Ala Asp Ala Ser Glu Ala Leu Asp Gly Leu Leu
65          70          75          80

Ala Pro Gly Val Asn Ala Ile Val Ala Leu Ala Val Gly Gly His Asp
          85          90          95

Gln Arg Val Arg Arg Val Glu Leu Val Leu Asp Ala Pro Gly Gly Val
          100          105          110

Arg Gly Glu Asp Leu Glu Ala Val Leu Pro Glu Asp Arg Met Val Gly
          115          120          125

Asp Ala Gly Leu Gly Gly Arg Leu Pro Ala Val Ala Arg Arg Val Gly
          130          135          140

Ala Asp His Asp Leu Ala Pro Leu Glu Pro Leu Gly Gln Val Ala Pro
          145          150          155          160

His Leu Val Gly Val Ala Val Arg His Val Asp Leu Val Pro Leu Gln
          165          170          175

Gln Pro Leu Ala Arg Glu Asp Arg Ala Asp Asp Ala Gly His His Arg
          180          185          190

His Val Lys Val Glu Ala Asp Val Asp Arg Ala Ala Val Val Leu Gly
          195          200          205

Ala Leu Pro Asp Val Leu Leu Ala Glu Val Val Val Gly Pro Ala Gly
          210          215          220

Ser Ser Leu Glu Ala Gly Leu Val Leu Leu Ala Glu Gly Ala Gly Val
          225          230          235          240

Glu Val Val Pro Gly Leu Leu Asp Leu Gly Leu Gly Asp Pro Ala Ala
          245          250          255

Leu Asp Gly Gly Glu Leu Glu Ala Gly Pro Phe Arg Val Leu Leu His
          260          265          270

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

Leu Pro Ala Arg Pro Leu Leu Val Arg Gln Arg Arg Leu Gln His Leu
          290          295          300

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

109/359

Gly Pro Glu Leu Arg Leu Gly Glu Arg Arg Leu Val Asp Asp Gly Pro
305 310 315 320

Gly Gln Ala Val Ala Pro Glu Ala Val Gly Val Val Arg Pro Lys Glu
325 330 335

Arg Gln Arg Arg Pro Val Pro Gln Val Asp Pro Glu Leu Gly Val Val
340 345 350

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

Gly Asp Pro Leu Gly Arg Pro Val Gly Arg Gly Asp Val Pro Val Val
370 375 380

Ala Leu Arg Val Gly His Ala Pro Val Pro Glu Ala Asp Gln Gly Gln
385 390 395 400

Val Arg Leu Ala Glu Ala Pro Ala Ala Gly Glu Gln Asp Val Ala Pro
405 410 415

Ala Ala Arg Val Asp Leu Arg Leu Gly Ala Ala Glu Leu Pro Asp Arg
420 425 430

Leu Ala Leu Ile Lys Ser
435

<210> 151

<211> 176

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 11942 right: 12469 frame: -3 size(aa): 176

<400> 151

Arg Val Gly Asp Gly Arg Arg His Leu Leu Asp Pro Pro Gly Gln Ala
1 5 10 15

Ala Ala Ala Val Gly Arg Asp Gln His Ala Glu Gln Gln His Arg Arg
20 25 30

Gly Gly Ala Leu Pro Gly Arg Ala Val Pro Gly Ala Gln Gly Arg Gly
35 40 45

Leu Pro Arg Pro Asp Gly Gln Gln Pro Glu Asp Val Arg Arg Gly Arg
50 55 60

Arg His Arg Pro Tyr Asp Pro Pro Glu Ala Arg Pro Gln Gly Pro His
65 70 75 80

Pro Glu Leu Pro Leu Gly Arg Gln Gly Gln Ala Gln Arg Asp Glu Arg
85 90 95

Ala Gly His Asp Arg Arg Arg Arg Ala Pro Leu Ser His Ser Pro Pro
100 105 110

Val Gln Glu Asp His Gln Gly Pro Pro Arg Arg Leu Arg Gln Gly Gly

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

110/359

115 120 125
 Gly Arg Gly Leu Arg His Arg Gln Glu Ala Arg Asp Arg Ala Leu Asp
 130 135 140

 Gly Arg Pro Gly Val Pro Gly Pro Val Gly Leu Gln Pro Arg Gln Gly
 145 150 155 160

 Leu Ala Phe Arg Leu Phe Gln Leu Leu Ala Gly Leu Ser Ser Gly Val
 165 170 175

 <210> 152
 <211> 448
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 11956 right: 13299 frame: -2 size(aa): 448

 <400> 152

 Gly Gly Gly Tyr Gly Arg Arg Thr Arg Tyr Met Leu Phe Pro Ala Thr
 1 5 10 15

 Cys Gly Gly Thr Ile Leu Gly Ser Arg Ser Gly Arg Gly Ser Asn Leu
 20 25 30

 Ala Phe Asp Glu Arg Gln Ser Ile Arg Glu Leu Ser Gly Pro Gln Ala
 35 40 45

 Gln Ile Tyr Thr Cys Gly Arg Arg Asn Val Leu Leu Thr Cys Gly Arg
 50 55 60

 Arg Phe Gly Lys Thr His Leu Ala Leu Ile Arg Leu Arg Asn Trp Gly
 65 70 75 80

 Met Ser His Pro Glu Gly Asn Tyr Trp Tyr Val Ala Pro Thr Tyr Arg
 85 90 95

 Ala Ala Lys Arg Ile Ala Trp Lys Arg Leu Lys Lys Leu Ile Asp Pro
 100 105 110

 Thr Tyr Val Ala Gly Ile Asn Asn Thr Glu Leu Arg Ile Asp Leu Trp
 115 120 125

 Asn Gly Ala Thr Leu Thr Leu Phe Gly Ala Asp Asn Pro Asp Ser Leu
 130 135 140

 Arg Gly Asp Ser Leu Ser Gly Ala Val Ile Asp Glu Ala Ala Phe Thr
 145 150 155 160

 Lys Pro Glu Leu Trp Thr Glu Val Leu Gln Pro Ala Leu Ser Asp Gln
 165 170 175

 Glu Gly Pro Cys Trp Gln Ile Thr Thr Pro Lys Gly Phe Asn His Tyr
 180 185 190

 His Glu Leu Trp Glu Ser Val Glu Glu Asp Pro Glu Trp Ala Arg Phe
 195 200 205

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

111/359

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

<210> 153

<211> 61

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 11957 right: 12139 frame: 3 size(aa): 61

<400> 153

Thr Ser Glu Lys Leu Glu Glu Pro Glu Arg Gln Pro Leu Thr Arg Leu
 1 5 10 15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

112/359

Gln Ala Asp Arg Ala Arg Tyr Pro Arg Pro Ser Val Gln Cys Ser Ile
 20 25 30

Pro Gly Phe Leu Ser Met Ala Lys Pro Ser Ala Pro Ser Leu Thr Gln
 35 40 45

Thr Pro Arg Arg Pro Leu Met Val Phe Leu His Arg Gly
 50 55 60

<210> 154

<211> 70

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 12152 right: 12361 frame: 3 size(aa): 70

<400> 154

Trp Arg Ser Pro Ser Ala Val Met Thr Ser Ala Phe Val Ala Leu Ser
 1 5 10 15

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

Cys Phe Arg Arg Ile Val Trp Ser Val Thr Pro Ala Ser Ala Asp Val
 35 40 45

Phe Arg Leu Leu Pro Val Gly Ser Gly Gln Thr Thr Thr Leu Arg Pro
 50 55 60

Trp Asn Arg Ser Ala Arg
 65 70

<210> 155

<211> 95

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 12174 right: 12458 frame: -1 size(aa): 95

<400> 155

Trp Pro Ala Ser Ser Ala Arg Ser Ser Arg Ala Ser Gly Cys Cys Ser
 1 5 10 15

Gly Thr Arg Ser Thr Cys Arg Thr Ala Thr Pro Thr Arg Trp Gly Ala
 20 25 30

Thr Trp Pro Ser Gly Ser Arg Gly Ala Arg Ser Trp Ser Ala Pro Thr
 35 40 45

Arg Arg Ala Thr Ala Gly Arg Arg Pro Pro Arg Pro Ala Ser Pro Thr
 50 55 60

Ile Arg Ser Ser Gly Ser Thr Ala Ser Arg Ser Ser Pro Arg Thr Pro

113/359

65 70 75 80

Pro Gly Ala Ser Arg Thr Ser Ser Thr Arg Arg Thr Arg Trp Ser
85 90 95

<210> 156

<211> 146

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

 $\langle 220 \rangle$

<221> misc feature

```
<223>  >New ORF = left: 12462 right: 12899 frame: -1 size(aa): 146
```

<400> 156

Arg Ser Leu Gly Arg Thr Thr Pro Thr Ala Ser Gly Ala Thr Ala Cys
1 5 10 15

Pro Gly Pro Ser Ser Thr Arg Arg Arg Ser Pro Ser Arg Ser Ser Gly
20 25 30

Pro Arg Cys Cys Ser Arg Arg Cys Arg Thr Arg Arg Gly Arg Ala Gly
35 40 45

Arg Ser Pro Pro Arg Arg Ala Ser Thr Ile Thr Thr Ser Ser Gly Ser
50 55 60

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

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

Ser Thr Pro Ala Pro Ser Ala Arg Ser Thr Arg Pro Ala Ser Arg Leu
100 105 110

Leu Pro Ala Gly Pro Thr Thr Thr Ser Ala Arg Arg Thr Ser Gly Arg
115 120 125

Ala Pro Arg Thr Thr Ala Ala Arg Ser Thr Ser Ala Ser Thr Leu Thr
130 135 140

Cys Arg
145

<210> 157

<211> 240

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc feature

```
<223>  >New ORF = left: 12473 right: 13192 frame: -3 size(aa): 240
```

<400> 157

Ala Pro Val Asp Pro Gly Ala Gln Arg Pro Pro Gly Ala Asp Leu His
1 5 10 15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

114/359

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

<210> 158

<211> 65

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 12474 right: 12668 frame: 1 size(aa): 65

<400> 158

Ser Arg Gly Arg Arg Arg Pro Cys Arg Arg Cys Pro Arg Arg Pro Pro
 1 5 10 15
 Arg Cys Ser Pro Gly Arg Ser Arg Ser Arg Pro Gly Arg Gln Gln Pro
 20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

115/359

Arg Ser Trp Pro Arg Thr Pro Gly Gly Arg Cys Gly Gly Arg Gly Gly
 35 40 45

Ser Gly Pro Ser Arg Ser Arg Pro Arg Arg Pro Gly Arg Pro Gly Trp
 50 55 60

Trp
 65

<210> 159

<211> 58

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 12551 right: 12724 frame: 3 size(aa): 58

<400> 159

Ala Arg Pro Ala Ala Ala Ser Lys Leu Ala Ser Tyr Ser Trp Arg Lys
 1 5 10 15

Val Arg Gly Ser Arg Trp Phe Arg Ala Phe Ser Ile Ser Ala Ser Glu
 20 25 30

Thr Arg Pro Pro Trp Met Val Val Asn Ser Lys Arg Ala His Ser Gly
 35 40 45

Ser Ser Ser Thr Asp Ser Gln Ser Ser Trp
 50 55

<210> 160

<211> 96

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 12728 right: 13015 frame: 3 size(aa): 96

<400> 160

Trp Leu Lys Pro Phe Gly Val Val Ile Cys Gln His Gly Pro Ser Trp
 1 5 10 15

Ser Asp Ser Ala Gly Cys Ser Thr Ser Val Gln Ser Ser Gly Leu Val
 20 25 30

Asn Ala Ala Ser Ser Met Thr Ala Pro Asp Arg Leu Ser Pro Arg Arg
 35 40 45

Leu Ser Gly Leu Ser Ala Pro Lys Ser Val Ser Val Ala Pro Phe His
 50 55 60

Arg Ser Ile Arg Ser Ser Val Leu Leu Met Pro Ala Thr Tyr Val Gly
 65 70 75 80

Ser Ile Ser Phe Leu Arg Arg Phe Gln Ala Ile Arg Leu Ala Ala Arg

95

Glu Thr Gly Pro Ser Leu Thr Gln Gly Pro Thr Ala Ala Ser Gly Ala
1 5 10 15

Gly Thr Gly Arg Ser Pro Arg Pro Asp Ser Arg Thr Cys Leu Ala Cys
20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

117/359

Ser Arg Arg Arg Arg Ser Thr Ala Ser Ile Gly Arg Ser Ser Ser Cys
 35 40 45

Ser Cys Gly Thr Glu Pro Leu Leu Arg Trp Arg Ile Trp Ala Ser Tyr
 50 55 60

Pro Leu His Ala Leu Pro Ser His Leu Arg Arg His Asp Pro Arg Leu
 65 70 75 80

Pro Val Gly Pro Gly Ile Gln Pro Ser Phe
 85 90

<210> 163

<211> 312

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 13206 right: 14141 frame: -1 size(aa): 312

<400> 163

Pro Arg Pro Ser Ala Pro Ser Ser Pro Ser Thr Gly Pro Ala Pro Gly
 1 5 10 15

Pro Glu Pro Ile Thr Ala Pro Cys Ala Thr Ser Pro Val Pro Ile Pro
 20 25 30

Pro Pro Ser His Asp Thr Pro Asp His Arg Asp Leu Arg Ala Pro Glu
 35 40 45

Gly Val Pro His Gln Pro Val Gly Asp Arg Pro Asp Asp Leu Pro Ala
 50 55 60

Glu His Arg Arg Thr His Val Ala Arg Leu Ala Pro Val Pro Gly Leu
 65 70 75 80

Gly Arg Cys Arg Arg His Ala Pro Ala His Gly Pro Pro Gly Leu Arg
 85 90 95

Val Cys Pro Gly Pro Arg Pro Gly Arg Asp Pro Asp Gly Arg Arg Pro
 100 105 110

Asp Ala Pro Gln Asp Pro Gly Ala Gln Gly Ala Pro Gly Arg His Arg
 115 120 125

Gly Pro Asp Arg Pro Gly Gly Gly Arg Ala Arg Gly Asp His Gly Pro
 130 135 140

Gly Gly Gln Arg Ala Leu Glu Val Leu Arg His Arg Arg Gly Arg Pro
 145 150 155 160

Val Pro Gln Gly Gln Arg Pro Gly Arg Pro Arg Leu Arg Arg Pro Ala
 165 170 175

Pro Ala Asp Gly Ala Asp Glu Thr Ala Pro Asp Gly Leu Gly Val Gly
 180 185 190

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

118/359

Cys Gly Gly Ala Gly Arg Ala His Val Pro Val Arg Ala Asp Asp Gln
 195 200 205
 Glu Asp Val Met Leu Pro His Arg Leu His Glu Arg Leu Ala Arg Leu
 210 215 220
 Arg Asp Trp Ala Leu Ser His Pro Gly Ala Asp Cys Arg Leu Trp Cys
 225 230 235 240
 Gly Asp Arg Ala Ile Ala Glu Ala Arg Phe Glu Asp Leu Leu Gly Met
 245 250 255
 Leu Ala Gln Ala Glu Ile Asp Cys Phe Asp Arg Gln Glu Leu Val Leu
 260 265 270
 Gln Leu Arg Asn Arg Ala Thr Ile Lys Val Glu Asp Met Gly Val Val
 275 280 285
 Pro Ala Thr Cys Ser Ser Gln Pro Pro Ala Ala Ala Arg Ser Ser Ala
 290 295 300
 Pro Gly Arg Ala Gly Asp Pro Thr
 305 310

<210> 164

<211> 81

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 13207 right: 13449 frame: 2 size(aa): 81

<400> 164

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

<210> 165

<211> 93

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

119/359

<223> >New ORF = left: 13303 right: 13581 frame: -2 size(aa): 93

<400> 165

Trp Thr Arg Cys Trp Met Trp Arg Cys Arg Thr Ser Ser Cys Ser Ser
 1 5 10 15

Ser Ser Gly Arg Ser Arg Arg Arg Asp Ala Ala Pro Gln Ala Pro Arg
 20 25 30

Ala Ala Gly Pro Val Glu Arg Leu Gly Pro Leu Ser Pro Arg Gly Arg
 35 40 45

Leu Pro Pro Leu Val Arg Gly Pro Gly Asp Arg Arg Gly Pro Ile Arg
 50 55 60

Gly Pro Ala Trp His Ala Arg Ala Gly Gly Asp Arg Leu Leu Arg Ser
 65 70 75 80

Ala Gly Ala Arg Pro Ala Ala Ala Glu Gln Ser His Tyr
 85 90

<210> 166

<211> 344

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 13307 right: 14338 frame: 3 size(aa): 344

<400> 166

Trp Leu Cys Ser Ala Ala Ala Gly Arg Ala Pro Ala Asp Arg Ser Ser
 1 5 10 15

Arg Ser Pro Pro Ala Arg Ala Cys Gln Ala Gly Pro Arg Ile Gly Pro
 20 25 30

Arg Arg Ser Pro Gly Pro Arg Thr Arg Gly Gly Ser Arg Pro Leu Gly
 35 40 45

Glu Arg Gly Pro Ser Leu Ser Thr Gly Pro Ala Ala Arg Gly Ala Cys
 50 55 60

Gly Ala Ala Ser Arg Leu Leu Asp Arg Pro Leu Glu Leu Glu His Glu
 65 70 75 80

Leu Val Leu His Leu His Ile Gln His Arg Val His Gln Ala Pro Phe
 85 90 95

His Leu Leu His Gln Gln Val Leu Asp Val Val Gly Val Gly Ala Gln
 100 105 110

Ala Val Asp Leu Glu Glu Gln Asp Gly Leu Gly Gly Val Ala Glu Leu
 115 120 125

Pro Lys Leu Ser Gly Leu Arg Gly His Gly Arg Leu Glu Leu Gly His
 130 135 140

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

120/359

Leu Arg Asp Asp Leu Gly Leu Asp Ala Gly Gln Glu Leu Leu Glu Leu
145 150 155 160

Arg Gly Leu Val Gly Arg Arg Gly Val Ala Arg Pro Asp Leu Gly Gln
165 170 175

Val Val Asp Gln Gly Lys Leu Ala Gly Leu Ala Asp Arg Val Leu Gly
180 185 190

His Ala Gly Gly Ser Ala Pro Val Pro Ala Gln Glu Pro Asn Ala Pro
195 200 205

His Val Phe Gly Asp Val Leu Arg Val Gly Arg Leu Asp Asp Pro Pro
210 215 220

Pro Ala Asp Val Gly Arg Pro Gln Ala Leu Val Gly Leu Gly Asp Leu
225 230 235 240

Glu Cys His Gly Lys Glu Gly Val Ser Glu Pro Gly Met Trp Arg Met
245 250 255

Ala Pro Leu Ser Ala Arg Ala Gln Glu Arg Ala Arg Leu Met Ala Ser
260 265 270

Leu Ala Arg Met Ala Ser Val Thr Ser Thr Pro Arg Ser Val Ala Arg
275 280 285

Ser Arg Ala Arg Ile Arg Thr Ser Ala Thr Ser Ser Gly Ser Trp Ala
290 295 300

Arg Ser Leu Ala Ile Asn Ser Pro Ile Ser Ser Arg Ser Leu Ala Met
305 310 315 320

Val Arg Arg Gly Gly Gly Arg Gly Ser Gly Gly Gly Ser Arg Arg Arg
325 330 335

Ser Pro Pro Gly Ala Gln Arg Arg
340

<210> 167

<211> 190

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 13511 right: 14080 frame: -3 size(aa): 190

<400> 167

Arg Arg His Ala Pro His Pro Arg Phe Arg Tyr Pro Leu Leu Pro Met
1 5 10 15

Thr Leu Gln Ile Thr Glu Thr Tyr Glu Arg Leu Arg Ala Ser His Ile
20 25 30

Ser Arg Trp Gly Ile Val Gln Thr Thr Tyr Pro Gln Asn Ile Ala Glu
35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

121/359

His Met Trp Arg Val Trp Leu Leu Cys Arg Asp Trp Gly Ala Ala Ala
50 55 60

Gly Met Pro Gln His Thr Val Arg Gln Ala Cys Glu Phe Ala Leu Val
65 70 75 80

His Asp Leu Ala Glu Ile Arg Thr Gly Asp Ala Pro Thr Pro His Lys
85 90 95

Thr Pro Glu Leu Lys Glu Leu Leu Ala Gly Ile Glu Ala Gln Ile Val
100 105 110

Pro Glu Val Ala Glu Leu Glu Ala Thr Met Ala Pro Glu Ala Arg Glu
115 120 125

Leu Trp Lys Phe Cys Asp Thr Ala Glu Ala Val Leu Phe Leu Lys Val
130 135 140

Asn Gly Leu Gly Ala His Ala Tyr Asp Val Gln His Leu Leu Met Glu
145 150 155 160

Gln Met Lys Arg Arg Leu Met Asp Ser Val Leu Asp Val Glu Val Gln
165 170 175

Asp Glu Leu Met Phe Gln Phe Glu Arg Thr Ile Lys Lys Thr
180 185 190

<210> 168

<211> 130

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 13609 right: 13998 frame: -2 size(aa): 130

<400> 168

Gly Arg Pro Thr Ser Ala Gly Gly Gly Ser Ser Arg Arg Pro Thr Arg
1 5 10 15

Arg Thr Ser Pro Asn Thr Cys Gly Ala Phe Gly Ser Cys Ala Gly Thr
20 25 30

Gly Ala Leu Pro Pro Ala Cys Pro Ser Thr Arg Ser Ala Arg Pro Ala
35 40 45

Ser Leu Pro Trp Ser Thr Thr Trp Pro Arg Ser Gly Arg Ala Thr Pro
50 55 60

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

Arg Pro Arg Ser Ser Arg Arg Trp Pro Ser Ser Arg Arg Pro Trp Pro
85 90 95

Arg Arg Pro Glu Ser Phe Gly Ser Ser Ala Thr Pro Pro Arg Pro Ser
100 105 110

Cys Ser Ser Arg Ser Thr Ala Trp Ala Pro Thr Pro Thr Thr Ser Ser

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

122/359

115

120

125

Thr Cys
130

<210> 169

<211> 109

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 13629 right: 13955 frame: 1 size(aa): 109

<400> 169

Ala Trp Ala Pro Arg Pro Leu Thr Leu Arg Asn Arg Thr Ala Ser Ala
1 5 10 15

Val Ser Gln Asn Phe Gln Ser Ser Leu Ala Ser Gly Ala Met Val Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Ala Thr Ser Gly Thr Ile Trp Ala Ser Met Pro Ala Arg
35 40 45

Ser Ser Leu Ser Ser Gly Val Leu Trp Gly Val Gly Ala Ser Pro Val
50 55 60

Arg Ile Ser Ala Arg Ser Trp Thr Arg Ala Asn Ser Gln Ala Trp Arg
65 70 75 80

Thr Val Cys Trp Gly Met Pro Ala Ala Ala Pro Gln Ser Arg His Arg
85 90 95

Ser Gln Thr Arg His Met Cys Ser Ala Met Phe Cys Gly
100 105

<210> 170

<211> 67

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 13783 right: 13983 frame: 2 size(aa): 67

<400> 170

Ala Pro Gly Ser Cys Gly Ala Ser Gly Arg Arg Pro Ser Gly Ser Arg
1 5 10 15

Pro Gly Arg Gly Pro Gly Gln Thr Arg Arg Pro Gly Gly Pro Cys Ala
20 25 30

Gly Ala Cys Arg Arg Gln Arg Pro Ser Pro Gly Thr Gly Ala Lys Arg
35 40 45

Ala Thr Cys Val Arg Arg Cys Ser Ala Gly Arg Ser Ser Gly Arg Ser
50 55 60

Pro Thr Gly
65

<210> 171
<211> 131
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> >New ORF = left: 14023 right: 14415 frame: 2 size(aa): 131

<400> 171

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

Lys Pro Thr
130

<210> 172
<211> 98
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> >New ORF = left: 14035 right: 14328 frame: -2 size(aa): 98

<400> 172

Ala	Pro	Gly	Gly	Asp	Arg	Arg	Leu	Asp	Pro	Pro	Pro	Glu	Pro	Arg	Pro
1				5					10					15	
Pro	Pro	Arg	Arg	Thr	Ile	Ala	Lys	Leu	Leu	Glu	Glu	Ile	Gly	Glu	Leu
			20					25					30		

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

124/359

Ile Ala Ser Asp Arg Ala His Asp Pro Leu Glu Val Ala Asp Val Leu
 35 40 45

Ile Leu Ala Leu Asp Leu Ala Thr Leu Leu Gly Val Asp Val Thr Glu
 50 55 60

Ala Ile Arg Ala Lys Leu Ala Ile Asn Arg Ala Arg Ser Trp Ala Arg
 65 70 75 80

Ala Asp Asn Gly Ala Met Arg His Ile Pro Gly Ser Asp Thr Pro Ser
 85 90 95

Phe Pro

<210> 173

<211> 69

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14084 right: 14290 frame: -3 size(aa): 69

<400> 173

Thr Pro Thr Ala Ala Pro Ala His His Arg Gln Ala Pro Gly Gly Asp
 1 5 10 15

Arg Gly Val Asp Arg Gln Arg Pro Gly Pro Arg Pro Ala Arg Gly Gly
 20 25 30

Arg Arg Pro Asp Pro Gly Pro Arg Pro Gly Asp Ala Pro Gly Arg Arg
 35 40 45

Arg Asp Arg Gly His Pro Arg Gln Ala Arg His Gln Pro Gly Pro Leu
 50 55 60

Leu Gly Pro Ser Arg
 65

<210> 174

<211> 93

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14115 right: 14393 frame: 1 size(aa): 93

<400> 174

Trp Arg Ala Trp Arg Gly Trp Pro Arg Ser Arg Arg Arg Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ser Pro Gly Arg Gly Pro Gly Ser Gly Arg Arg Pro Pro Arg Ala Gly
 20 25 30

Arg Gly Pro Gly Arg Trp Arg Ser Thr Pro Arg Ser Pro Pro Gly Ala

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

125/359

35 40 45
 Trp Arg Trp Cys Ala Gly Ala Ala Val Gly Val Gln Gly Val Asp Pro
 50 55 60
 Gly Gly Asp Leu Arg Leu Glu Leu Ser Asp Gly Ser Gly His Thr Asn
 65 70 75 80
 Leu Arg Ala Leu Pro Gly Trp Gly Cys Gly Arg Arg Arg
 85 90
 <210> 175
 <211> 419
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 14235 right: 15491 frame: -1 size(aa): 419
 <400> 175
 Thr Thr Ser Gly Ala Ser Ser Arg Arg Arg Pro Ser Arg Arg Gly Pro
 1 5 10 15
 Gly Val Pro Ser Trp Thr Ala Asp Pro Gly Arg Ala Met Leu Ser Ile
 20 25 30
 Pro Pro Tyr Tyr Arg Val Lys Asn Cys Asn Leu Ile Val Asp Cys Gln
 35 40 45
 Tyr Gly Ser Thr Gly Lys Gly Leu Leu Ala Gly Tyr Leu Gly Ala Leu
 50 55 60
 Glu Ala Pro Gln Val Leu Cys Met Ala Pro Ser Pro Asn Ala Gly His
 65 70 75 80
 Thr Leu Val Glu Glu Asp Gly Thr Ala Arg Val His Lys Met Leu Pro
 85 90 95
 Leu Gly Ile Thr Ser Pro Ser Leu Glu Arg Ile Tyr Leu Gly Pro Gly
 100 105 110
 Ser Val Ile Asp Met Asp Arg Leu Leu Glu Glu Tyr Leu Ala Leu Pro
 115 120 125
 Arg Gln Val Glu Leu Trp Val His Gln Asn Ala Ala Val Val Leu Gln
 130 135 140
 Glu His Arg Asp Glu Glu Ala Ala Gly Gly Leu Ala Pro Gly Ser Thr
 145 150 155 160
 Arg Ser Gly Ala Gly Ser Ala Phe Ile Ala Lys Ile Arg Arg Arg Pro
 165 170 175
 Gly Thr Leu Leu Phe Gly Glu Ala Val Arg Asp His Pro Leu His Gly
 180 185 190
 Val Val Arg Val Val Asp Thr Arg Thr Ala Gln Asp Met Leu Phe Arg
 195 200 205

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

126/359

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

Ser Gly Ser

<210> 176

<211> 73

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14332 right: 14550 frame: -2 size(aa): 73

<400> 176

Arg His Pro Gly Ala Arg Gly His Arg Pro Glu Arg Arg Gly Arg Gly
 1 5 10 15

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

127/359

His Pro Arg Arg His Arg Gly Gln Gly Gly Gly Asp Leu Arg Arg Leu
 35 40 45

Arg Pro Glu Val Thr Asp Val Tyr His Thr Pro Thr Arg Ala Glu Leu
 50 55 60

Glu Gly Leu Tyr Ala Arg Tyr Arg Arg
 65 70

<210> 177

<211> 244

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14397 right: 15128 frame: 1 size(aa): 244

<400> 177

Leu Arg Ala Glu Ala Asp Val Gly His Leu Arg Pro Gly Leu Asp Gly
 1 5 10 15

Val Glu Asp Val Leu Glu Ser Pro Glu Ala Gly Arg Val Leu Gly Glu
 20 25 30

Val Glu Glu His Leu Val His Ala Val Leu Gly Asp Gly Leu Val Arg
 35 40 45

Leu Asp Gly Ala Lys Arg Lys Asp Pro Ala Gly Glu Leu Arg His Gly
 50 55 60

Gly Val Leu Leu Leu Gln Ala Gln Val Gly Glu Leu Ala Leu Asp Arg
 65 70 75 80

Val Gly Val Ala Gly Gly Ala Pro Leu Thr Gly Leu Arg Ala Val Gly
 85 90 95

His Pro Asp Arg Val Gly Pro His Arg Ala Asp Asp Pro Gly Asp Pro
 100 105 110

Gly Asp Val Val Gly Gln Ala Ala Val Gly Asp Gln Leu Gly Arg Arg
 115 120 125

Asp Val Pro Gly Gly Ala Val Gly Val Gly Pro Val Val Asp Arg Gln
 130 135 140

Ala Val Ala Leu Ala Pro Leu Gly Leu Asp Arg Pro Gly Pro Lys Gln
 145 150 155 160

His Val Leu Gly Gly Pro Gly Val Asp Asp Pro Asp Asp Thr Val Glu
 165 170 175

Arg Val Ile Pro Asp Gly Leu Thr Glu Gln Glu Arg Pro Arg Ala Ala
 180 185 190

Ala Asp Leu Gly Asp Lys Arg Arg Ala Gly Ala Ala Ala Gly Arg Ala
 195 200 205

Trp Gly Gln Ala Pro Gly Gly Leu Leu Ile Pro Val Leu Leu Glu Asp

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

128/359

210 . 215 220

Asp Gly Gly Val Leu Val Asp Pro Glu Leu His Leu Pro Gly Glu Gly
 225 230 235 240

Gln Val Leu Leu

<210> 178

<211> 75

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14419 right: 14643 frame: 2 size(aa): 75

<400> 178

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

Pro Arg Leu Gly Gly Tyr Trp Ala Lys Leu Arg Asn Thr Ser Ser Thr
 20 25 30

Pro Phe Trp Ala Met Ala Ser Cys Ala Trp Met Ala Leu Asn Val Lys
 35 40 45

Ile Arg Arg Gly Ser Phe Val Thr Val Val Tyr Ser Cys Ser Arg Pro
 50 55 60

Arg Ser Ala Asn Trp His Ser Thr Glu Ser Gly
 65 70 75

<210> 179

<211> 53

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14423 right: 14581 frame: -3 size(aa): 53

<400> 179

Arg Ser Ser Pro Ala Gly Ser Leu Arg Leu Ala Pro Ser Arg Arg Thr
 1 5 10 15

Arg Pro Ser Pro Arg Thr Ala Trp Thr Arg Cys Ser Ser Thr Ser Pro
 20 25 30

Ser Thr Arg Pro Ala Ser Gly Leu Ser Arg Thr Ser Ser Thr Pro Ser
 35 40 45

Arg Pro Gly Arg Arg
 50

<210> 180

<211> 73

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

129/359

<212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 14561 right: 14779 frame: 3 size(aa): 73

<400> 180

Arg Ser Gly Gly Gly Ala Ser Ser Arg Trp Cys Thr Pro Ala Pro Gly
 1 5 10 15
 Pro Gly Arg Arg Thr Gly Thr Arg Pro Ser Arg Gly Ser Arg Gly Arg
 20 25 30
 Ser Thr His Arg Pro Pro Gly Gly Trp Pro Pro Gly Ser Gly Arg Ser
 35 40 45
 Ala Ser Ser Arg Arg Pro Gly Arg Ser Gly Arg Arg Arg Ala Gly
 50 55 60
 Arg Ser Arg Arg Ser Ala Gly Pro Ser
 65 70

<210> 181
 <211> 60
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 14585 right: 14764 frame: -3 size(aa): 60

<400> 181

Ser Pro Thr Ala Ala Cys Pro Thr Thr Ser Pro Gly Ser Pro Gly Ser
 1 5 10 15
 Ser Ala Arg Cys Gly Pro Thr Arg Ser Gly Trp Pro Thr Ala Arg Arg
 20 25 30
 Pro Val Ser Gly Ala Pro Pro Ala Thr Pro Thr Arg Ser Ser Ala Ser
 35 40 45
 Ser Pro Thr Trp Ala Trp Ser Arg Ser Thr Pro Pro
 50 55 60

<210> 182
 <211> 93
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 14665 right: 14943 frame: -2 size(aa): 93

<400> 182

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

130/359

Gly Arg Pro Gly Ser Pro Ala Pro Arg Cys Arg Pro Gly Arg Arg His
 1 5 10 15
 Pro Asp Arg Pro Gly His Ala Val Ser Asp Pro Val Asp Pro Gly Arg
 20 25 30
 Gly Val Pro Gly Leu Gln Pro Val Gly Pro Pro Arg Gly Leu Pro Leu
 35 40 45
 Leu His Arg Pro Gly Arg His Asp Gly Pro Ala Asp Arg Arg Leu Arg
 50 55 60
 Pro Ala Leu Arg Arg Arg Pro Asp Arg Pro Gly Arg Arg Leu Asp Ala
 65 70 75 80
 Asp Leu Pro Asp Pro Gly Gly Gln Pro Pro Gly Gly Arg
 85 90

<210> 183

<211> 120

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14768 right: 15127 frame: -3 size(aa): 120

<400> 183

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

<210> 184

<211> 68

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

131/359

<223> >New ORF = left: 14783 right: 14986 frame: 3 size(aa): 68

<400> 184

Arg	Pro	Gly	Arg	Cys	Ser	Arg	Gly	Arg	Pro	Arg	Gly	Gly	Pro	Thr	Gly
1				5					10					15	

Cys	Ser	Pro	Gly	Thr	Pro	Arg	Pro	Gly	Ser	Thr	Gly	Ser	Glu	Thr	Ala
			20					25					30		

Cys	Pro	Gly	Arg	Ser	Gly	Cys	Arg	Arg	Pro	Gly	Arg	His	Arg	Gly	Ala
		35					40					45			

Gly	Asp	Pro	Gly	Arg	Pro	His	Arg	Thr	Gly	Ala	Ser	Gln	Gly	Gly	Gly
	50					55					60				

Gly	Ser	Trp	Arg
65			

<210> 185

<211> 79

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14932 right: 15168 frame: 2 size(aa): 79

<400> 185

Ser	Arg	Thr	Ala	Ser	Pro	Asn	Arg	Ser	Val	Pro	Gly	Arg	Arg	Arg	Ile
1				5					10					15	

Leu	Ala	Ile	Asn	Ala	Glu	Pro	Ala	Pro	Leu	Arg	Val	Glu	Pro	Gly	Ala
			20					25					30		

Arg	Pro	Pro	Ala	Ala	Ser	Ser	Ser	Arg	Cys	Ser	Trp	Arg	Thr	Thr	Ala
			35				40					45			

Ala	Phe	Trp	Trp	Thr	Gln	Ser	Ser	Thr	Cys	Arg	Gly	Arg	Ala	Arg	Tyr
	50					55					60				

Ser	Ser	Arg	Ser	Arg	Ser	Met	Ser	Ile	Thr	Glu	Pro	Gly	Pro	Arg
65					70					75				

<210> 186

<211> 68

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 14990 right: 15193 frame: 3 size(aa): 68

<400> 186

Thr	Pro	Ser	Arg	Arg	Arg	Cys	Gly	Ser	Ser	Leu	Gly	Pro	Gly	Pro	Arg
1				5					10					15	

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

132/359

Arg Pro Pro His Pro Gly Ala Pro Gly Gly Arg Arg Arg Arg Ser Gly
 20 25 30

Gly Pro Arg Ala Pro Pro Ala Gly Gly Gly Pro Gly Thr Pro Leu Gly
 35 40 45

Ala Gly Pro Cys Arg Ser Pro Ser Arg Gly Pro Gly Arg Ser Ala Gln
 50 55 60

Gly Trp Gly Trp
 65

<210> 187
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15132 right: 15470 frame: 1 size(aa): 113

<400> 187

Glu Pro Val His Val Asp His Arg Ala Gly Ala Gln Val Asp Pro Leu
 1 5 10 15

Lys Ala Gly Ala Gly Asp Ala Gln Gly Gln His Leu Val Asp Ala Gly
 20 25 30

Gly Ala Val Leu Leu Asp Gln Gly Val Ala Gly Val Gly Ala Gly Cys
 35 40 45

His Ala Gln His Leu Arg Gly Leu Glu Arg Pro Gln Val Ala Gly Gln
 50 55 60

Glu Pro Leu Ala Gly Ala Ala Val Leu Ala Val Asp Asp Gln Val Ala
 65 70 75 80

Val Leu His Ala Ile Val Gly Gly Asn Gly Gln His Ser Thr Ala Gly
 85 90 95

Val Ser Arg Pro Gly Trp Asp Ala Trp Ala Ser Pro Arg Trp Pro Ser
 100 105 110

Pro

<210> 188
 <211> 70
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15152 right: 15361 frame: -3 size(aa): 70

<400> 188

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

133/359

Ser Ser Thr Ala Ser Thr Ala Ala Pro Ala Arg Gly Ser Trp Pro Ala
 1 5 10 15

Thr Trp Gly Arg Ser Arg Pro Arg Arg Cys Cys Ala Trp His Pro Ala
 20 25 30

Pro Thr Pro Ala Thr Pro Trp Ser Arg Arg Thr Ala Pro Pro Ala Ser
 35 40 45

Thr Arg Cys Cys Pro Trp Ala Ser Pro Ala Pro Ala Leu Ser Gly Ser
 50 55 60

Thr Trp Ala Pro Ala Arg
 65 70

<210> 189
 <211> 80
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15181 right: 15420 frame: -2 size(aa): 80

<400> 189

Pro Arg Pro Cys Tyr Ala Val His Ser Pro Leu Leu Ser Arg Glu Glu
 1 5 10 15

Leu Gln Pro Asp Arg Arg Leu Pro Val Arg Gln His Arg Gln Gly Ala
 20 25 30

Pro Gly Arg Leu Pro Gly Gly Ala Arg Gly Pro Ala Gly Ala Val His
 35 40 45

Gly Thr Gln Pro Gln Arg Arg Pro His Pro Gly Arg Gly Gly Arg His
 50 55 60

Arg Pro Arg Pro Gln Asp Ala Ala Pro Gly His His Gln Pro Gln Pro
 65 70 75 80

<210> 190
 <211> 70
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15197 right: 15406 frame: 3 size(aa): 70

<400> 190

Cys Pro Gly Ala Ala Ser Cys Gly Arg Gly Arg Cys Arg Pro Pro Arg
 1 5 10 15

Pro Gly Cys Gly Arg Arg Trp Gly Trp Val Pro Cys Thr Ala Pro Ala
 20 25 30

Gly Pro Arg Ala Pro Pro Gly Ser Arg Pro Gly Ala Pro Cys Arg Cys

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

134/359

35 40 45
 Cys Arg Thr Gly Ser Arg Arg Ser Gly Cys Ser Ser Ser Arg Asp Ser
 50 55 60
 Arg Gly Glu Trp Thr Ala
 65 70
 <210> 191
 <211> 337
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15380 right: 16390 frame: -3 size(aa): 337
 <400> 191
 Leu Pro Val Leu Glu Pro Gly Arg Gly Arg Pro Val Arg Pro Gln Ala
 1 5 10 15
 Leu His Leu Arg Val Glu Glu Ala Glu Pro Gln Arg Gln Ala Leu His
 20 25 30
 Leu Ala Pro Asp Pro Ala Ala Pro Glu Arg Val Pro Arg Pro Ala Pro
 35 40 45
 Ala Ala Ala Pro Gly Pro Gly Pro Pro Gly Pro Cys Ala Pro Gly Ala
 50 55 60
 Pro Gly Arg Cys Pro Ser Pro Ala Leu Leu Glu Pro Pro Asp Arg Pro
 65 70 75 80
 Val Gly Asp Ala Pro Ala Arg Pro Gly Pro Gly Thr Arg Thr Gly Arg
 85 90 95
 Ala Ala Ala Pro Ala Gly Val Glu Pro Pro Asp Pro Ala Val Gly Asp
 100 105 110
 Pro Gly Ser Pro Ser Arg Ser Gly Pro Gly Pro Gly Gly Pro Gly Leu
 115 120 125
 Arg Ala Arg Arg Leu Pro Gly Pro Ala Val Arg Pro Ser Gly Arg Pro
 130 135 140
 Ala Ala Asp Pro Gly Pro Gly Arg Arg Ser Ala Pro Arg Arg Arg Pro
 145 150 155 160
 Gly Ala Asp Arg Pro Ala Pro Gly Val Ala Val Pro Gly Ala Gly Pro
 165 170 175
 Asp Arg Arg Pro Gly Arg Gly Arg Asn Pro Val Leu Thr Asp Arg Ser
 180 185 190
 Gln Gly Leu Arg Lys Gly Pro Leu Pro Val Gln Thr Thr Pro Pro Leu
 195 200 205
 His Pro Arg Glu Ser Gln His Pro Arg Arg Arg Gln Ala Ala Ser Asp
 210 215 220

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

135/359

Arg Tyr Gln Ala Ala Arg Ile His Arg Ala Ser Lys Arg Gly Arg Asp
 225 230 235 240
 Pro Gly His Gly Arg Leu Ala His Arg Arg Pro Arg Gln Ile His Pro
 245 250 255
 Pro Arg Gln Arg Gln Pro Gly Ser Pro Cys Cys His Pro Pro Gly His
 260 265 270
 Pro Gln His Leu Gly Gly Arg Pro Ala Cys His Asp Pro Gly Phe Leu
 275 280 285
 Gly Leu Asp Arg Glu Ala Pro Ala Asp Thr Pro Glu Leu His Pro Gly
 290 295 300
 Pro Val Gln Gly Glu Gly His Arg Gly Glu Ala Gln Ala Ser His Pro
 305 310 315 320
 Gly Arg Leu Thr Pro Ala Val Leu Cys Cys Pro Phe Pro Pro Thr Ile
 325 330 335

Ala

<210> 192
 <211> 386
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15391 right: 16548 frame: 2 size(aa): 386

<400> 192

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

136/359

Glu Trp Phe Val Arg Gly Gly Ala Pro Cys Gly Ala Pro Gly Ile Asp
 130 135 140
 Arg Ser Glu Arg Asp Phe Val Leu Ala Gln Asp Ala Gly Arg Gly Arg
 145 150 155 160
 Arg Leu Gly Leu Pro His Arg Gly Leu Ala Gly Arg His Arg Gly Ala
 165 170 175
 Cys Val Glu Arg Cys Ala Asp Leu Gly Arg Gly Arg Leu Arg Gly Gly
 180 185 190
 Arg Arg Gly Val Arg Leu Ala Arg Gly Ala Ala Leu Pro Val Gly Arg
 195 200 205
 Gly Arg Arg Gly Arg Gly Leu Ser Gly Arg Gly Ser Arg Gly His Pro
 210 215 220
 Leu Leu Gly Leu Gly Val Pro His Arg Leu Gly Arg Leu Arg Gly Arg
 225 230 235 240
 Cys Gly Cys Arg Gly Arg Gly Gly Leu Gly Arg His Pro Leu Ala Gly
 245 250 255
 Leu Gly Val Pro Val Gly Leu Gly Arg Gly Thr Gly Arg Gly Arg Leu
 260 265 270
 Gly Arg Met Gly Leu Gly Gly Arg Gly Leu Ala Leu Leu Leu Gly Gln
 275 280 285
 Ala Glu Glu Arg Val Pro Gly Arg Leu Asp Leu Glu Arg Asp Val Arg
 290 295 300
 Leu Ala Val Ala Ala Leu Leu Leu Pro Pro Gly Asp Val Glu Leu Glu
 305 310 315 320
 Ala Val Leu Val Gly Leu Gly Pro Val Arg Glu Gln Val Val Ser Glu
 325 330 335
 Gly Gly Asp Val Leu Gly Arg Asp Gly Ala Gly Ala Ala Val Val Asp
 340 345 350
 Pro Val Leu Ala Val Val Asp Glu Gln Gly Ala Val Glu Gly Gly Gln
 355 360 365
 Leu Gly Gly Leu Gly Leu Gly Leu Gly Leu Gly Leu Ala Val Gly Gly
 370 375 380
 Leu His
 385

<210> 193

<211> 134

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 15424 right: 15825 frame: -2 size(aa): 134

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

137/359

<400> 193

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

<210> 194

<211> 65

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 15491 right: 15685 frame: 3 size(aa): 65

<400> 194

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

<210> 195

<211> 71

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

138/359

<220> .
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15543 right: 15755 frame: -1 size(aa): 71

<400> 195

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

<210> 196
 <211> 94
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15725 right: 16006 frame: 3 size(aa): 94

<400> 196

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

<210> 197
 <211> 198
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 15753 right: 16346 frame: 1 size(aa): 198

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

139/359

<400> 197

```

Asp Ser Arg Gly Trp Ser Gly Gly Val Val Cys Thr Gly Arg Gly Pro
1          5          10          15

Leu Arg Ser Pro Trp Asp Arg Ser Val Arg Thr Gly Phe Arg Pro Arg
          20          25          30

Pro Gly Arg Arg Ser Gly Pro Ala Pro Gly Thr Ala Thr Pro Gly Ala
          35          40          45

Gly Arg Ser Ala Pro Gly Arg Leu Arg Gly Ala Leu Arg Arg Pro Gly
50          55          60

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

Ser Arg Leu Ala Arg Arg Pro Gly Pro Pro Gly Pro Gly Pro Glu Arg
          85          90          95

Glu Gly Leu Pro Gly Ser Pro Thr Ala Gly Ser Gly Gly Ser Thr Pro
          100          105          110

Ala Gly Ala Ala Ala Arg Pro Val Arg Val Pro Gly Pro Gly Arg Ala
          115          120          125

Gly Ala Ser Pro Thr Gly Arg Ser Gly Gly Ser Ser Arg Ala Gly Glu
130          135          140

Gly His Arg Pro Gly Ala Pro Gly Ala His Gly Pro Gly Gly Pro Gly
145          150          155          160

Pro Gly Ala Ala Ala Gly Ala Gly Arg Gly Thr Arg Ser Gly Ala Ala
          165          170          175

Gly Ser Gly Ala Arg Cys Lys Ala Cys Arg Cys Gly Ser Ala Ser Ser
          180          185          190

Thr Arg Arg Cys Arg Ala
          195

```

<210> 198

<211> 99

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 15759 right: 16055 frame: -1 size(aa): 99

<400> 198

```

Pro Arg Glu Pro Leu Pro Leu Arg Pro Arg Pro Arg Arg Pro Arg Pro
1          5          10          15

Thr Gly Lys Ala Ala Pro Arg Ala Ser Arg Thr Pro Leu Arg Pro Pro
          20          25          30

Arg Ser Arg Pro Arg Pro Arg Ser Ala Gln Arg Ser Thr Gln Ala Pro

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

140/359

35 40 45

Arg Cys Arg Pro Ala Ser Pro Arg Cys Gly Ser Pro Arg Arg Arg Pro
50 55 60

Arg Pro Ala Ser Trp Ala Arg Thr Lys Ser Arg Ser Asp Arg Ser Ile
65 70 75 80

Pro Gly Ala Pro Gln Gly Ala Pro Pro Arg Thr Asn His Ser Thr Thr
85 90 95

Pro Pro Pro

<210> 199

<211> 257

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 15829 right: 16599 frame: -2 size(aa): 257

<400> 199

Arg Val Arg Pro Leu Ser Arg Thr Thr Thr Thr Pro Asn Arg Ser Leu
1 5 10 15

Ser Met Gln Ala Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Pro Gln Pro Gln Ala Gln
20 25 30

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

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

Val Ala Ala Leu Ala Asp Tyr Leu Phe Ser Asn Arg Ala Glu Ala Asp
65 70 75 80

Gln Tyr Gly Leu Lys Leu Tyr Ile Ser Gly Trp Lys Lys Gln Ser Arg
85 90 95

Asn Gly Lys Pro Tyr Ile Ser Leu Gln Ile Gln Pro Pro Arg Asn Ala
100 105 110

Phe Leu Gly Leu Pro Gln Gln Gln Arg Gln Ala Pro Ala Pro Gln Ala
115 120 125

His Ala Pro Gln Ala Pro Pro Ala Gly Ala Pro Pro Gln Pro Tyr Trp
130 135 140

Asn Pro Gln Thr Gly Gln Trp Val Thr Pro Gln Pro Ala Pro Ala Pro
145 150 155 160

Ala Pro Ala Pro Ala Ala Gln Pro Pro Gln Pro Val Trp Asn Pro Gln
165 170 175

Thr Gln Gln Trp Val Thr Pro Gly Ala Pro Pro Ala Gln Ala Pro Ala
180 185 190

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

141/359

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

Ala Pro Pro Ala Ala Pro Gln Pro Thr Pro Ala Gln Val Gly Ala Ala
 210 215 220

Leu His Ala Gly Ala Pro Val Pro Thr Gly Gln Pro Pro Val Trp Gln
 225 230 235 240

Ser Gln Ala Pro Ala Pro Thr Gly Val Leu Gly Glu Asp Glu Ile Pro
 245 250 255

Phe

<210> 200
 <211> 146
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 16146 right: 16583 frame: -1 size(aa): 146

<400> 200

Ala Gly Pro Arg Pro His Pro Thr Ala Leu Phe Gln Cys Lys Pro Pro
 1 5 10 15

Thr Ala Ser Pro Ser Pro Ser Pro Arg Pro Arg Pro Pro Ser Cys Pro
 20 25 30

Pro Ser Thr Ala Pro Cys Ser Ser Thr Thr Ala Arg Thr Gly Ser Thr
 35 40 45

Thr Ala Ala Pro Ala Pro Ser Arg Pro Arg Thr Ser Pro Pro Ser Leu
 50 55 60

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

Ser Thr Ser Pro Gly Gly Arg Ser Arg Ala Ala Thr Ala Ser Leu Thr
 85 90 95

Ser Arg Ser Arg Ser Ser Arg Pro Gly Thr Arg Ser Ser Ala Cys Pro
 100 105 110

Ser Ser Ser Ala Arg Pro Arg Pro Pro Arg Pro Met Arg Pro Arg Arg
 115 120 125

Pro Arg Pro Val Pro Leu Pro Ser Pro Thr Gly Thr Pro Arg Pro Ala
 130 135 140

Ser Gly
 145

<210> 201
 <211> 111
 <212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

142/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 16394 right: 16726 frame: -3 size(aa): 111

<400> 201

Arg	Pro	Ser	Arg	Arg	Arg	Pro	Ser	Pro	Arg	Ser	Thr	Ala	Gly	Thr	Arg
1				5					10					15	

Thr	Thr	Arg	Ser	Ala	Ser	Ala	Pro	Pro	Gly	Arg	Arg	Pro	Arg	Ala	Arg
			20					25					30		

Pro	Arg	Trp	Pro	Ser	Ser	Arg	Ala	Pro	Leu	Thr	Arg	Ser	Ala	Ser	Glu
		35					40					45			

Pro	Asp	His	Asp	His	Thr	Gln	Pro	Leu	Ser	Phe	Asn	Ala	Ser	Pro	Leu
	50					55					60				

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

Pro	Gln	Arg	Leu	Pro	Val	Arg	Arg	Arg	Gln	Pro	Glu	Pro	Asp	Arg	Leu
			85						90					95	

Gln	Arg	Leu	Leu	His	His	His	Gly	Pro	Gly	Arg	Arg	Arg	Pro	Arg
		100						105					110	

<210> 202

<211> 251

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 16485 right: 17237 frame: 1 size(aa): 251

<400> 202

Gly	Arg	Ala	Ala	Gly	Gly	Pro	Gly	Pro	Gly	Ala	Gly	Ala	Gly	Ala	Gly
1				5					10				15		

Arg	Arg	Gly	Leu	Ala	Leu	Lys	Glu	Ser	Gly	Trp	Val	Trp	Ser	Trp	Ser
			20					25					30		

Gly	Ser	Glu	Ala	Glu	Arg	Val	Ser	Gly	Ala	Leu	Leu	Asp	Gly	Gln	Arg
		35					40					45			

Gly	Arg	Ala	Leu	Gly	Arg	Arg	Pro	Gly	Gly	Ala	Glu	Ala	Glu	Arg	Val
	50					55					60				

Val	Arg	Val	Pro	Ala	Val	Leu	Arg	Gly	Asp	Gly	Arg	Arg	Arg	Leu	Gly
65					70				75						80

Arg	His	Ala	Val	Leu	Ser	Val	Gly	Arg	Gly	His	Ala	Glu	Asp	Gly	His
			85					90						95	

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

143/359

100

105

110

Gly Gly Val Ala Leu Gly Arg Leu Val Glu Gln Asp Asp Arg Glu Leu
 115 120 125

Arg Gly Asp Ala Gly Pro Gly Leu Val Val Glu Pro Gly Gly Glu Asp
 130 135 140

Gly Asp Pro Gly Leu Trp Ala Pro Val Lys Gly Leu Asp Asp Arg Gln
 145 150 155 160

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

Asp Val Gly Ala Glu Ala Ala Val Gly Gly Ala Leu Asp Asp Ala Val
 180 185 190

Leu Gly Leu Glu Leu Gly Gln Arg Leu Glu Gln Glu Arg His Pro Trp
 195 200 205

Val Ser Gly Gly His Arg Gly Thr Arg Arg Trp Cys Ser Arg Arg Arg
 210 215 220

Ala Arg Ala Asp Pro Gly Arg Thr Ala Ala Gly Ala Arg Arg Ser Pro
 225 230 235 240

Gly Gly Arg Ser Arg Trp Ser Leu Gln Arg Arg
 245 250

<210> 203

<211> 55

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 16538 right: 16702 frame: 3 size(aa): 55

<400> 203

Gly Ala Cys Ile Glu Arg Glu Arg Leu Gly Val Val Val Arg Leu
 1 5 10 15

Arg Gly Arg Thr Arg Gln Arg Arg Pro Ala Gly Trp Pro Ala Gly Ala
 20 25 30

Gly Pro Gly Ala Ala Ala Arg Arg Gly Arg Gly Arg Thr Arg Arg Ser
 35 40 45

Gly Pro Arg Cys Ala Ala Gly
 50 55

<210> 204

<211> 88

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 16552 right: 16815 frame: 2 size(aa): 88

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

144/359

<400> 204

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

<210> 205

<211> 212

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 16587 right: 17222 frame: -1 size(aa): 212

<400> 205

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

145/359

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

<210> 206
 <211> 67
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 16741 right: 16941 frame: -2 size(aa): 67

<400> 206

Pro Gly Pro Arg Ala Arg Gly Arg Arg Pro Leu His Leu Ala Leu Pro
 1 5 10 15
 Arg Val Arg Gly Leu Arg Leu Leu Gly Ala Pro Gly Arg Pro Val Leu
 20 25 30
 Arg Ala Asp Gln Ala Gln His Leu Gln Ser Ala Ala Gly Arg His Asp
 35 40 45
 His Val Pro Ser Pro Val Arg Cys Asp Gly His Pro Arg His Gly Leu
 50 55 60
 Gly Arg His
 65

<210> 207
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 16775 right: 17005 frame: -3 size(aa): 77

<400> 207

Ala Pro Ser Ser Arg Leu Ser Gly Arg Arg Thr Ser Ser Gly Cys Arg
 1 5 10 15
 Ser Ser Arg Pro Leu Thr Gly Ala Gln Ser Pro Gly Ser Pro Ser Ser
 20 25 30
 Pro Pro Gly Ser Thr Thr Ser Pro Gly Pro Ala Ser Pro Arg Ser Ser

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

146/359

35

40

45

Arg Ser Ser Cys Ser Thr Ser Arg Pro Ser Ala Thr Pro Pro Ile Ser
 50 55 60

Ser Trp Ala Pro Arg Ser Arg Thr Phe Ala Gly Thr Leu
 65 70 75

<210> 208

<211> 65

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 16799 right: 16993 frame: 3 size(aa): 65

<400> 208

Ser Trp Arg Pro Ala Ala Asp Trp Arg Cys Cys Ala Trp Ser Ala Arg
 1 5 10 15

Arg Thr Gly Arg Pro Gly Ala Pro Arg Arg Arg Arg Pro Arg Thr Arg
 20 25 30

Gly Arg Ala Arg Trp Arg Gly Arg Arg Pro Arg Ala Leu Gly Pro Gly
 35 40 45

Gln Arg Ser Gly Arg Ser Thr Ala Arg Ala Cys Ser Pro Pro Gly Gln
 50 55 60

Pro

65

<210> 209

<211> 55

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 16945 right: 17109 frame: -2 size(aa): 55

<400> 209

Pro Thr Asp Ala Ala Pro Ala Gln Gly Ala Gly Pro Val Pro Gly Arg
 1 5 10 15

Ala Gln Arg Arg Arg Ala His Arg Arg Arg Gln Leu Arg Pro Leu Arg
 20 25 30

Arg Pro Glu Arg Arg Pro Gln Gly Cys Pro Gly Gly Glu Gln Ala Arg
 35 40 45

Ala Val Asp Arg Pro Asp Leu
 50 55

<210> 210

<211> 190

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

147/359

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17020 right: 17589 frame: 2 size(aa): 190

<400> 210

Gly Pro Lys Leu Pro Ser Ala Val Arg Ser Thr Thr Leu Cys Ser Ala
1 5 10 15

Trp Asn Trp Ala Ser Ala Leu Ser Arg Ser Gly Ile Arg Gly Ser Ala
20 25 30

Glu Val Ile Gly Glu Leu Asp Asp Gly Val Leu Val Gly Gly Pro Gly
35 40 45

Leu Ile Leu Ala Val Leu Leu Gln Val Leu Gly Asp Leu Leu Glu Ala
50 55 60

Asp Leu Val Gly His Cys Ser Gly Val Asp Gly Ile Val Arg Glu Pro
65 70 75 80

Asp Asp Pro Gly Gly Val Gly Arg Leu Arg Leu Glu Gln His Gln Gln
85 90 95

Leu Pro Leu Gly Arg Thr Ala Gly Gln Ala Glu Asp Leu Glu Val Val
100 105 110

Gly Arg Leu Met Ile Val Ala Val Val Pro Asp Arg Pro Leu Glu Leu
115 120 125

Ala Ile Ala Gly Val Gly Arg Gly Leu Asp Val Asp Gln Pro Pro Gly
130 135 140

Ala Gly Pro Arg Val Glu Pro Asp Leu Glu Leu Gln Ala Arg Gly Arg
145 150 155 160

Val Asp Arg Glu Asp Arg Leu Leu Gly Gly Asp His Arg Leu Gly Asp
165 170 175

Ala Leu Asn Asp Gly Val Leu Glu Gly Asp Val Pro His Gly
180 185 190

<210> 211

<211> 347

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17113 right: 18153 frame: -2 size(aa): 347

<400> 211

Ser Leu Tyr Arg Gly Arg Glu Pro Pro Gln Ser His Asn Asn Arg Gly
1 5 10 15

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

149/359

340

345

<210> 212
 <211> 143
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 17123 right: 17551 frame: -3 size(aa): 143

<400> 212

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

<210> 213
 <211> 61
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 17168 right: 17350 frame: 3 size(aa): 61

<400> 213

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

150/359

Pro Trp Gly Gly Arg Pro Ala Arg Arg Arg Thr Leu Arg
 50 55 60

<210> 214

<211> 71

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17226 right: 17438 frame: -1 size(aa): 71

<400> 214

Ser Thr Ser Arg Pro Arg Pro Thr Pro Ala Met Ala Ser Ser Ser Gly
 1 5 10 15

Arg Ser Gly Thr Thr Ala Thr Ile Ile Arg Arg Pro Thr Thr Ser Arg
 20 25 30

Ser Ser Ala Trp Pro Ala Val Arg Pro Arg Gly Ser Cys Trp Cys Cys
 35 40 45

Ser Ser Arg Arg Arg Pro Thr Pro Pro Gly Ser Ser Gly Ser Arg Thr
 50 55 60

Met Pro Ser Thr Pro Leu Gln
 65 70

<210> 215

<211> 74

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17381 right: 17602 frame: 3 size(aa): 74

<400> 215

Ser Arg Ile Asp His Leu Asn Leu Pro Leu Leu Ala Ser Ala Val Val
 1 5 10 15

Leu Thr Ser Ile Ser His Pro Gly Leu Val His Ala Ser Ser Arg Ile
 20 25 30

Leu Ser Ser Arg Pro Val Val Gly Ser Ile Ala Lys Thr Asp Ser Ser
 35 40 45

Val Glu Thr Thr Val Ser Ala Met Arg Leu Met Thr Gly Cys Leu Arg
 50 55 60

Ala Thr Ser Arg Met Ala Asn Thr Cys Trp
 65 70

<210> 216

<211> 231

<212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

151/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17555 right: 18247 frame: -3 size(aa): 231

<400> 216

Trp Ser Gly Ser Gly Arg Arg Pro Gly Pro Gly Thr Gly Gly Arg Pro
1 5 10 15

Tyr Ser Gln Arg Ala Val Leu Trp Arg Ala Ser Arg His Val Ile Val
20 25 30

Val Val Pro Gly Ala Gly Ala Pro Thr Ile Pro Gln Gln Pro Trp Thr
35 40 45

Phe Leu Lys Arg Pro Thr Ala Ser Gly Thr Ser Asp Gly Ala Ser Thr
50 55 60

Val Ala Leu Gly Ala Ala Pro Val Leu Leu Ser Pro Arg Lys Val Gly
65 70 75 80

Pro Arg Cys Leu Arg Pro Arg Ser Ser Gly Thr Cys Ala Gly Arg Pro
85 90 95

Asp Asp Pro Gly Thr Pro Gly Pro Gly Ala His Pro Gly Gly Ala Pro
100 105 110

Ala Pro Ala Pro Gln Ala His Gln Arg Ala Ala Pro Arg Pro Pro Arg
115 120 125

Asp Arg Ile Glu Arg Pro Gln Ala Leu Pro Pro Val Ala Ala Pro Leu
130 135 140

Leu Ala Pro Gln Val Gln Pro Leu Val Arg Thr Glu Ala Ala Leu Gly
145 150 155 160

Leu Asp Ala Asp Gly Asp Arg Pro Ala His Arg Pro Ala Arg Ala Gly
165 170 175

Ala Leu Arg Glu Gly Gly Arg Ser Gly Ala Asp Asp Ala Gln Asp Val
180 185 190

Glu Gly Gly Gln Gly Gly Pro Arg Arg Ala Arg Arg Gln Val Arg Ala
195 200 205

His Asp Pro Pro Gly Gly Leu Pro Ala Gly Val Ser His Ala Gly Arg
210 215 220

Arg Pro Gln Ala Pro Arg His
225 230

<210> 217

<211> 155

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

152/359

<223> >New ORF = left: 17593 right: 18057 frame: 2 size(aa): 155

<400> 217

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

<210> 218

<211> 73

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17625 right: 17843 frame: 1 size(aa): 73

<400> 218

Ala Arg Thr Trp Arg Arg Ala Arg Arg Gly Pro Pro Trp Pro Pro Ser
 1 5 10 15
 Thr Ser Trp Ala Ser Ser Ala Pro Asp Arg Pro Pro Ser Arg Ser Ala
 20 25 30
 Pro Ala Arg Ala Gly Arg Cys Ala Gly Arg Ser Pro Ser Ala Ser Arg
 35 40 45
 Pro Arg Ala Ala Ser Val Arg Thr Arg Gly Cys Thr Cys Gly Ala Ser
 50 55 60
 Ser Gly Ala Ala Thr Gly Gly Arg Ala
 65 70

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

153/359

<210> 219
 <211> 88
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 17691 right: 17954 frame: -1 size(aa): 88

<400> 219

Pro Arg His Pro Arg Pro Arg Ser Pro Pro Arg Arg Ser Ser Ser Pro
 1 5 10 15
 Ser Pro Pro Ser Ser Pro Thr Ser Ser Thr Thr Pro Thr Pro Arg Ser
 20 25 30
 Asp Arg Ala Thr Ser Ser Ser Ser Ala Gly Arg Arg Ser Thr Thr Gly
 35 40 45
 Thr Ala Ser Thr Ala Pro Arg Ser Tyr Arg Ser Arg Pro Arg Pro Arg
 50 55 60
 Cys Arg Trp Gly Pro Pro Cys Thr Ser Pro Cys Ser Ser Arg Ser Ala
 65 70 75 80
 Ser Arg Arg Arg Ser Val Arg Arg
 85

<210> 220
 <211> 59
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 17819 right: 17995 frame: 3 size(aa): 59

<400> 220

Trp Ser Gly Asp Arg Arg Lys Ser Leu Arg Ser Leu Asp Pro Ile Ala
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Trp Cys Cys Ser Leu Val Ser Leu Gly Gly Trp Gly Trp
 20 25 30
 Ser Ser Ser Gly Val Gly Ser Gly Ala Trp Gly Ala Trp Val Ile Gly
 35 40 45
 Ser Pro Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
 50 55

<210> 221
 <211> 101
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

154/359

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17895 right: 18197 frame: 1 size(aa): 101

<400> 221

Ala Trp Gly Ala Gly Ala Gly Ala Pro Pro Gly Trp Ala Pro Gly Pro
 1 5 10 15

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

Gly Arg Lys His Leu Gly Pro Thr Leu Arg Gly Asp Ser Ser Thr Gly
 35 40 45

Ala Ala Pro Arg Ala Thr Val Glu Ala Pro Ser Glu Val Pro Glu Ala
 50 55 60

Val Gly Leu Leu Arg Lys Val His Gly Cys Cys Gly Ile Val Gly Ala
 65 70 75 80

Pro Ala Pro Gly Thr Thr Thr Ile Thr Cys Arg Leu Ala Arg His Asn
 85 90 95

Thr Ala Arg Cys Glu
 100

<210> 222

<211> 70

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 17958 right: 18167 frame: -1 size(aa): 70

<400> 222

Pro Ala Cys Tyr Ser Arg Cys Thr Gly Gly Gly Ser Pro His Asn Pro
 1 5 10 15

Thr Thr Thr Val Asp Leu Ser Gln Glu Thr Tyr Arg Leu Trp His Leu
 20 25 30

Gly Trp Arg Phe Tyr Arg Gly Pro Arg Arg Gly Thr Arg Thr Ala Ile
 35 40 45

Ser Pro Gln Gly Gly Thr Gln Val Leu Thr Thr Gln Glu Phe Arg Asp
 50 55 60

Leu Cys Arg Ala Thr Arg
 65 70

<210> 223

<211> 113

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

155/359

<223> >New ORF = left: 18029 right: 18367 frame: 3 size(aa): 113

<400> 223

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

Pro

<210> 224

<211> 103

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 18157 right: 18465 frame: -2 size(aa): 103

<400> 224

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

156/359

<210> 225
 <211> 105
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 18171 right: 18485 frame: -1 size(aa): 105

<400> 225

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

<210> 226
 <211> 183
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 18201 right: 18749 frame: 1 size(aa): 183

<400> 226

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

157/359

Gly Gly Gln Leu Phe Glu Gly Pro Phe Ile Pro His Ser Pro Ile Leu
 85 90 95
 Pro Pro Trp Gly Gly Gly Arg Arg Arg Ser Pro Ser Gly Cys Gly Ala
 100 105 110
 Gly Pro Asp Gly Arg Pro Ser Ser Cys Ala Val Ser Cys Ala Gly Cys
 115 120 125
 Leu Ala Cys Arg Pro Arg Ser Ala Ser Ala Arg Ser Ala Pro Ala Pro
 130 135 140
 Gly Pro Pro Trp Gly Pro Gly Arg Pro Gly Ser Pro Thr Pro Gly Pro
 145 150 155 160
 Gly Ser Gly Arg Ser Ala Gly Gln Pro Ala Ser Gly Ser Thr Arg Ser
 165 170 175
 Arg Tyr Pro Cys Ser Gly Gly
 180

<210> 227

<211> 166

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 18251 right: 18748 frame: -3 size(aa): 166

<400> 227

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

158/359

```

145                               150                               155                               160
Ala Trp Ala Arg Thr His
      165

<210>   228
<211>   507
<212>   PRT
<213>   Cyanophage S-2L

<220>
<221>   misc_feature
<223>   >New ORF = left: 18316 right: 19836 frame: 2 size(aa): 507

<400>   228

Asn Arg Cys Arg Cys Thr Ser Pro Gly Arg Pro Asp Arg Thr Ser Val
1          5              10              15

Pro Leu Ser Ser Gln Ser Gly Gly Met Ser Asp Ser Leu Gln Gln Leu
      20              25              30

Ala Ser Lys Thr Pro Ser Trp Leu Trp Thr Gly Asp Ser Cys Leu Arg
      35              40              45

Gly His Ser Phe Arg Ile Ala Leu Ser Tyr His Arg Gly Val Gly Ala
      50              55              60

Gly Asp Asp Leu Pro Ala Val Ala Glu Pro Asp Leu Met Ala Gly His
65          70              75              80

Pro Val Val Gln Cys Leu Ala Arg Asp Ala Ser Pro Val Ala Pro Gly
      85              90              95

Gln His Pro Leu Asp Arg His Pro His Arg Gly Arg Pro Gly Gly Gln
      100             105             110

Asp Val Pro Asp His Pro His Arg Gly Leu Ala Pro Val Asp Pro Leu
      115             120             125

Ala Asn Pro Arg Leu Asp Pro Pro Asp Pro Asp Thr His Val Pro Ala
      130             135             140

Ala Ser His Pro Asp Gln Phe Ser Gly Arg Gln Pro Gly Gln Gly Ala
145          150             155             160

Val Glu Gly Gly Pro Gly Gln Val Glu Leu Cys Gly His Leu Gly Gln
      165             170             175

Arg Arg Pro Pro Pro Gly Pro Met Val Gly Gln Ala Ala Pro Gly Gln
      180             185             190

Arg His His Arg Gly Pro Pro Gly Pro Met Ala Ser Glu Gln Phe Arg
      195             200             205

Leu Asn Arg Gln Gly Met Leu Gly Trp Val His Ala Thr Leu His Arg
      210             215             220

Ser Gly Ala Ala Val Asp Arg Arg Pro Gly Val Asp Ala Gln Gly Gln
225          230             235             240

```


Gln Ala Arg Ala Leu Arg Pro Pro His Arg Gly Arg Gln Asp Gln His
 245 250 255
 Leu His Arg Gly Gly Gln Ala Asp Arg Gly Ala Gly Gln Ala Gly Pro
 260 265 270
 Asp Pro Gly Ala Pro Pro Gly Ala Pro Pro Pro Asp Gln Arg Pro Ala
 275 280 285
 His Glu Val Gly His His Pro Arg Ala Glu Pro Gly Arg Val Arg Leu
 290 295 300
 Asp Asp Arg Gln Ala Asp Pro Leu Pro Ala Gly Pro Ala Asp Arg Arg
 305 310 315 320
 Arg Gly Pro Pro Leu Arg Gln Pro His Leu Gly Pro Glu Asp Arg Arg
 325 330 335
 Val Arg Arg Pro Ala Pro Gly Leu Asp Arg His Pro Gly Ala Ala Arg
 340 345 350
 Arg Pro Gly Pro Gly Arg Gly Val Pro Gly His Gly His Arg Ala Val
 355 360 365
 Arg Arg Arg Ala His Gly Ala Gln Pro Pro Val Pro Val Pro Pro Val
 370 375 380
 Pro Pro Ala Pro Gly Leu Arg Pro Gly Gln Arg Ala Gly Arg Val Leu
 385 390 395 400
 Arg Gly Pro Gln Leu Glu Asp Val Arg Arg Arg Pro Ala Asp Asp Arg
 405 410 415
 Val Leu His Leu Asp Arg Ala Cys Gly Gln Asp Leu Arg Gly Val Pro
 420 425 430
 Gly Arg Arg Cys Gly Gly Arg Gly Ala Arg Leu Glu Thr Val Arg His
 435 440 445
 Arg Ala Ala Arg Ala Asp Arg Pro Val Gln Glu Arg Arg Asp Asp Gly
 450 455 460
 Ala Arg Leu Gly His Ala Asp Leu Gly Gly Phe Arg Arg Pro Arg Leu
 465 470 475 480
 Arg Leu Arg Pro Ala Ala Pro Pro Asp Val Val Ala Val Ala Leu Pro
 485 490 495
 Pro Ala Gly Arg Pro Gly Pro Pro Val Leu Arg
 500 505

<210> 229

<211> 158

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 18484 right: 18957 frame: -2 size(aa): 158

<400> 229

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

<210> 230

<211> 84

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 18545 right: 18796 frame: 3 size(aa): 84

<400> 230

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

<210> 231
 <211> 83
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 18753 right: 19001 frame: 1 size(aa): 83

<400> 231

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

Ser Ser Cys

<210> 232
 <211> 55
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 18770 right: 18934 frame: -3 size(aa): 55

<400> 232

Ile	Ala	Arg	Ser	Pro	Ser	Val	Pro	Val	Val	Pro	Gly	Gly	Val	Ala	Asp
1				5					10					15	
Leu	Glu	Pro	Pro	Gly	Arg	Pro	Trp	Ala	Arg	Val	Val	Ala	Val	Ala	Asp
			20					25					30		
Arg	Asp	Gly	Arg	Arg	Val	Arg	Pro	Ala	Gln	Gly	His	Leu	Leu	Pro	Arg
		35					40					45			
Pro	Gly	Pro	Ala	Gly	Val	Arg									
	50					55									

<210> 233
 <211> 461
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

162/359

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 18938 right: 20320 frame: -3 size(aa): 461

<400> 233

Asp His Val Gly Ser His Gly Leu Gly His Leu Gln Ala Asn Pro Val
1 5 10 15

Leu Glu Asp Gly Phe Ala Leu Cys His Thr Thr Ile Leu Ala Pro Arg
20 25 30

Ile Thr Gly Gly Gln Asp Leu Val Tyr Pro Ala Trp Phe Val Pro Leu
35 40 45

Leu Leu Gly Gln Pro Ala Gln Val Leu Leu Gly Pro Gly Val Pro Asp
50 55 60

Asp Leu Pro Leu Gly His Gly Val Asp Arg Gly Gly Gly Gly Leu Leu
65 70 75 80

Glu Asp Gly Ile His Leu Pro Gly Tyr Asp Gly Leu His Arg Val Pro
85 90 95

Val Pro Ala Glu Arg Ala Asp Arg Arg Arg Ala Val Asp Leu Glu Ala
100 105 110

Leu Arg Ala Asp Pro Glu Arg Trp Gly Arg Ala Val Leu Ala Gly Pro
115 120 125

Asp Leu Leu Ala Leu Gln Gly Pro Val Val Glu Val Val Arg Gln Ala
130 135 140

Gln Val Arg Val Leu Arg Val Ala His Ala Val Glu Asp Asp Ala Gly
145 150 155 160

Leu Thr Gly Glu Pro Glu Ala Pro Ala Asp Leu Leu Glu Val Glu Arg
165 170 175

Gln Arg Arg Arg Arg Ala Glu Gln Gln Asp Ala Val Ala Val Gly Asp
180 185 190

Val Glu Thr Leu Arg Asp Gln His Asp Arg Asp Glu His His Arg Leu
195 200 205

Ala Ala Leu Glu Pro Gly Asp Pro Leu Glu Pro Leu Gly Val Gly Gln
210 215 220

Phe Arg Val Glu His Leu Gly Arg His Thr Asp Gly Pro Glu Arg Leu
225 230 235 240

Ala Gly Leu Gly Arg Met Leu Asp Arg Asp Ala Glu Arg Asp Arg Pro
245 250 255

Pro Ala Val Gly Glu Arg Leu Pro Val Ala Asp Pro Gly Glu His Gly
260 265 270

Pro Leu Ala Ala Arg Val Glu Val Arg Gly Arg Val Glu Gln Ala Val
275 280 285

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

163/359

Pro Gly Gln Ala Val Glu Arg His Glu Leu Gly Asp Gly Arg Pro Asp
 290 295 300

Asp His Val Leu Glu His Leu Ala Gln Ala Pro Ala Val Glu Pro Leu
 305 310 315 320

Arg Gly Gly Gly Pro Ala Gln Glu Arg Asp Val Val Leu Val Asp Leu
 325 330 335

Pro Gly Pro Gly Gly Ala Asp Ala Val Val Gly Leu Val Asp Asp Gln
 340 345 350

Gln Val Arg Pro Glu Val Gly Pro Leu Ala Asp Arg Arg Asp Val His
 355 360 365

Ala Pro Val Arg Pro Gly Gly Asp Ala Arg Leu His Glu Pro Asp Val
 370 375 380

Gly Leu Val Glu Glu Leu Pro Ala Val His Gln Asp Gln Gly Pro Leu
 385 390 395 400

Ala Pro Leu His Gly Pro Pro Gly Arg Leu Asp Glu Gly Val Gly Leu
 405 410 415

Ala Ala Pro Gly Gly Glu Asp Ala Glu His Ala Leu Val Ala Leu Glu
 420 425 430

His Arg Arg Pro Gly Val Gly Gln Gln Leu Leu Leu Ile Gly Val Glu
 435 440 445

Trp His Ala Pro Ile Leu Ala Tyr Leu Ala Asp Ser Ala
 450 455 460

<210> 234

<211> 424

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 18962 right: 20233 frame: 3 size(aa): 424

<400> 234

Asp Gly Cys Met Pro Leu Tyr Thr Asp Gln Glu Gln Leu Leu Thr Asp
 1 5 10 15

Ala Arg Ala Ser Met Leu Lys Gly Asn Lys Arg Val Leu Cys Val Leu
 20 25 30

Pro Thr Gly Gly Gly Lys Thr Asn Thr Phe Ile Glu Ala Ala Arg Arg
 35 40 45

Thr Val Glu Arg Gly Lys Arg Ala Leu Ile Leu Val His Arg Arg Glu
 50 55 60

Leu Leu His Gln Thr Asn Val Arg Leu Met Lys Ser Gly Ile Thr Pro
 65 70 75 80

Gly Pro Asn Arg Gly Val Tyr Val Ser Thr Ile Gly Lys Arg Thr His

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

164/359

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

Leu Ala Ala Arg Asn Ala Arg Arg
420

<210> 235

<211> 269

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 18991 right: 19797 frame: -2 size(aa): 269

<400> 235

Ser Asp Ser Asp Asp Val Gly Arg Ser Ser Arg Thr Gln Ser Gln Ser
1 5 10 15

Gly Thr Ser Lys Pro Ser Glu Ile Ser Met Thr Glu Thr Ser Thr Ile
20 25 30

Val Ser Pro Leu Leu Asn Arg Ala Ile Arg Ser Ser Arg Ser Val Ser
35 40 45

Asp Ser Phe Glu Ser Ser Thr Ser Ala Ala Thr Pro Thr Ala Arg Asn
50 55 60

Ala Ser Gln Val Leu Ala Ala Cys Ser Ile Glu Met Gln Asn Ala Ile
65 70 75 80

Val Arg Arg Pro Ser Ala Asn Val Phe Gln Leu Arg Thr Pro Glu Asn
85 90 95

Thr Ala Arg Ser Leu Pro Gly Ser Lys Ser Gly Gly Gly Trp Asn Arg
100 105 110

Arg Tyr Arg Asp Arg Arg Leu Ser Ala Met Ser Ser Ala Thr Asp Gly
115 120 125

Pro Met Thr Met Ser Trp Asn Thr Ser Pro Arg Pro Arg Pro Ser Ser
130 135 140

Arg Ser Gly Val Ala Val Gln Pro Arg Ser Gly Thr Ser Tyr Ser Ser
145 150 155 160

Ile Phe Arg Ala Gln Val Gly Leu Thr Gln Trp Trp Ala Ser Ser Thr
165 170 175

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

Tyr Thr Pro Arg Phe Gly Pro Gly Val Met Pro Asp Phe Met Ser Arg
195 200 205

Thr Leu Val Trp Trp Arg Ser Ser Arg Arg Cys Thr Arg Ile Arg Ala
210 215 220

Arg Leu Pro Arg Ser Thr Val Arg Leu Ala Ala Ser Met Lys Val Leu
225 230 235 240

$\langle 210 \rangle$	239
$\langle 211 \rangle$	144

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

168/359

<212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 19801 right: 20232 frame: -2 size(aa): 144

<400> 239

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

<210> 240
 <211> 127
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 19840 right: 20220 frame: 2 size(aa): 127

<400> 240

Ala	Leu	Arg	His	Pro	Arg	Leu	Arg	Gly	Gln	Leu	Ala	Ala	Pro	Glu	Pro
1				5					10					15	
Gly	Pro	Ala	Gly	Arg	Leu	Pro	Pro	Leu	Val	Pro	Gly	Gly	Gln	Glu	Gly
			20					25					30		
Pro	Gly	Arg	Pro	Gly	Arg	His	Gly	Pro	Thr	Ala	Pro	Gly	Leu	Pro	Glu
		35					40					45			
Val	Leu	Pro	Gly	Pro	Pro	Pro	Gly	Ala	Gly	Leu	Pro	Val	Leu	Arg	Val
	50					55				60					

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

169/359

Pro Ala Pro Gly Ala Val Arg Arg Thr Pro Gly Gly Gly Cys Arg Pro
65 70 75 80

Pro Gly Val His Arg His Pro Asp Pro His Arg Ala Gln Ala Gly Gly
85 90 95

His Pro Glu Arg Pro Asp Arg Gly Gly Pro Ala Pro Ala Gly Pro Gly
100 105 110

Ala Gly Val Gln Thr Arg Leu Gly Arg Gln Asp Pro Gly Arg Pro
115 120 125

<210> 241

<211> 92

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 19851 right: 20126 frame: -1 size(aa): 92

<400> 241

Pro Pro Ala Trp Ala Arg Cys Gly Ser Gly Trp Arg Trp Thr Pro Gly
1 5 10 15

Gly Arg His Pro Pro Pro Gly Val Arg Arg Thr Ala Pro Gly Ala Gly
20 25 30

Thr Arg Arg Thr Gly Arg Pro Ala Pro Gly Gly Gly Pro Gly Ser Thr
35 40 45

Ser Gly Arg Pro Gly Ala Val Gly Pro Cys Arg Pro Gly Arg Pro Gly
50 55 60

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

Gly Ser Gly Ala Ala Ser Cys Pro Arg Ser Arg Gly
85 90

<210> 242

<211> 81

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20130 right: 20372 frame: -1 size(aa): 81

<400> 242

Ser Ser Pro Arg Ser Glu Asp Arg Gly Gly Ser His Cys Gly Ser Gly
1 5 10 15

Ile Gly Pro Arg Gly Glu Pro Trp Pro Gly Pro Pro Pro Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Phe Gly Gly Trp Phe Arg Ala Val Pro Tyr Asn His Thr Ser Ala

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

170/359

35 40 45

Ala His Tyr Gly Arg Pro Gly Ser Cys Leu Pro Ser Leu Val Cys Thr
50 55 60

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

Gly

<210> 243

<211> 68

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20202 right: 20405 frame: 1 size(aa): 68

<400> 243

Thr Arg Ser Trp Pro Pro Val Met Arg Gly Ala Ser Met Val Val Trp
1 5 10 15

His Ser Ala Lys Pro Ser Ser Lys Thr Gly Phe Ala Trp Arg Trp Pro
20 25 30

Arg Pro Trp Leu Pro Thr Trp Ser Tyr Ser Gly Thr Thr Met Gly Ala
35 40 45

Ser Pro Ile Leu Gly Pro Gly Ala Gly Ser Pro Ser Ala Trp Gly Arg
50 55 60

Ala Pro Pro Thr
65

<210> 244

<211> 201

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20224 right: 20826 frame: 2 size(aa): 201

<400> 244

Cys Ala Ala Leu Val Trp Leu Tyr Gly Thr Ala Arg Asn His Pro Pro
1 5 10 15

Lys Leu Asp Ser Pro Gly Gly Gly Pro Gly His Gly Ser Pro Arg Gly
20 25 30

Pro Ile Pro Glu Pro Gln Trp Glu Pro Pro Arg Ser Ser Asp Arg Gly
35 40 45

Leu Asp His Leu Arg Pro Gly Gly Gly Leu Pro Arg Pro Asp Arg Met
50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

171/359

Ala Arg Pro Pro Asp Arg Arg Pro Arg Pro Val Arg Arg Ser Arg Gly
65 70 75 80

Gln Ala Ala Arg Gly Glu Gly Pro Pro Arg Ala Ala Asp Leu Asp Arg
85 90 95

Gln His Gln Arg Gly Arg Arg Pro Cys Arg Tyr Arg His Phe Thr Arg
100 105 110

Gly Gly His Arg Ser Pro Val Gln Ser Pro Leu Ser Leu Arg Gly Thr
115 120 125

Pro Cys Pro Pro Gln Pro Gln Arg Pro Pro Pro Ala Arg Pro Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Pro Ala Ser Ser Gln Ser Cys Ser Thr Cys Pro Arg Pro Ser
145 150 155 160

Ser Ser Ala Ser Ile Gly Arg Arg Thr Arg Thr Gly Gly Pro Val Arg
165 170 175

Leu Arg Ser Ser Thr Cys Ser Arg Pro Pro Ser Thr Pro Ala Arg Ser
180 185 190

Ala Asp Arg Thr Thr Gly Pro Val Gln
195 200

<210> 245

<211> 118

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20236 right: 20589 frame: -2 size(aa): 118

<400> 245

Gly Gly Leu Asp Arg Arg Ala Met Ala Ser Ser Gly Glu Val Thr Val
1 5 10 15

Pro Ala Arg Pro Pro Ala Ala Leu Met Leu Ser Ile Gln Val Cys Cys
20 25 30

Ser Gly Arg Ala Phe Ser Pro Gly Ser Leu Thr Ser Arg Pro Thr Asn
35 40 45

Trp Ala Arg Ala Pro Ile Trp Arg Thr Arg His Pro Ile Arg Ser Gly
50 55 60

Glu Pro Ser Pro Arg Pro Lys Val Ile Gln Pro Pro Val Arg Gly Ser
65 70 75 80

Gly Arg Leu Pro Leu Trp Phe Arg Asn Arg Thr Thr Trp Gly Ala Met
85 90 95

Ala Trp Ala Thr Ser Arg Arg Ile Gln Phe Trp Arg Met Val Ser Arg
100 105 110

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

172/359

Cys Ala Ile Gln Pro Tyr
115

<210> 246

<211> 172

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20237 right: 20752 frame: 3 size(aa): 172

<400> 246

Tyr Gly Cys Met Ala Gln Arg Glu Thr Ile Leu Gln Asn Trp Ile Arg
1 5 10 15

Leu Glu Val Ala Gln Ala Met Ala Pro His Val Val Leu Phe Arg Asn
20 25 30

His Asn Gly Ser Leu Pro Asp Pro Arg Thr Gly Gly Trp Ile Thr Phe
35 40 45

Gly Leu Gly Glu Gly Ser Pro Asp Leu Ile Gly Trp Arg Val Leu Gln
50 55 60

Ile Gly Ala Leu Ala Gln Phe Val Gly Leu Glu Val Lys Leu Pro Gly
65 70 75 80

Glu Lys Ala Arg Pro Glu Gln Gln Thr Trp Ile Asp Asn Ile Asn Ala
85 90 95

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

Leu Leu Ser Ser Pro Pro Tyr Pro Phe Glu Val His His Ala Pro Arg
115 120 125

Asn Arg Arg Gly Pro Arg Pro Gln Asp Pro Leu Pro Glu Ala Arg Pro
130 135 140

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

Ser Gly Glu Gly Pro Gly Pro Ala Asp Pro Phe Gly
165 170

<210> 247

<211> 76

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20324 right: 20551 frame: -3 size(aa): 76

<400> 247

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

173/359

1 5 10 15
 Gly Leu Leu Leu Gly Ala Gly Leu Leu Pro Gly Gln Leu Asp Leu Glu
 20 25 30
 Thr Asp Glu Leu Gly Glu Gly Ala Asp Leu Glu Asp Ala Pro Ser Asp
 35 40 45
 Gln Val Gly Gly Ala Leu Pro Gln Ala Glu Gly Asp Pro Ala Pro Gly
 50 55 60
 Pro Arg Ile Gly Glu Ala Pro Ile Val Val Pro Glu
 65 70 75

<210> 248
 <211> 131
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 20409 right: 20801 frame: 1 size(aa): 131

<400> 248

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

<210> 249
 <211> 116
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 20550 right: 20897 frame: -1 size(aa): 116

<400> 249

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

<210> 250

<211> 63

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20671 right: 20859 frame: -2 size(aa): 63

<400> 250

Gly Pro Pro Gly Ala Ile Leu Gly Gly Leu Ser Leu Tyr Gly Ala Arg
 1 5 10 15
 Gly Ser Ile Ser Arg Ser Ser Gly Arg Arg Gly Arg Pro Arg Ala Gly
 20 25 30
 Gly Arg Ser Gln Pro Asn Gly Ser Ala Gly Pro Gly Pro Ser Pro Asp
 35 40 45
 Arg Gly Ala Arg Arg Gly Pro Arg Ala Cys Arg Ala Gly Leu Ala
 50 55 60

<210> 251

<211> 76

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20687 right: 20914 frame: -3 size(aa): 76

<400> 251

Cys Leu Arg Trp Ser Lys Gly Met Thr Ala Val Ala Gly Gly His Ala
1 5 10 15

Val Leu Arg Pro Pro Gly Ser Asn Pro Gly Gly Pro Leu Thr Val Arg
20 25 30

Gly Pro Trp Phe Asp Gln Pro Ile Glu Arg Ala Ser Arg Ala Ala Ser
35 40 45

Ser Arg Trp Lys Ile Ser Ala Glu Arg Val Arg Arg Ser Trp Ser Phe
50 55 60

Ala Arg Ser Arg Arg Ser Thr Arg Ala Ser Gly Met
65 70 75

<210> 252

<211> 54

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20756 right: 20917 frame: 3 size(aa): 54

<400> 252

Asp Leu Pro Pro Ala Arg Gly Arg Pro Arg Arg Pro Leu Asp Arg Leu
1 5 10 15

Ile Glu Pro Arg Ala Pro Tyr Ser Glu Arg Pro Pro Arg Ile Ala Pro
20 25 30

Gly Gly Pro Gln His Cys Met Thr Ala Cys His Ser Gly His Thr Leu
35 40 45

Thr Pro Pro Gln Thr Leu
50

<210> 253

<211> 274

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20830 right: 21651 frame: 2 size(aa): 274

<400> 253

Glu Ala Pro Gln Asp Cys Ser Arg Gly Ala Ser Thr Leu His Asp Arg
1 5 10 15

Leu Pro Gln Arg Ser Tyr Pro Tyr Ser Thr Ser Asp Thr Ile Ala Asp
20 25 30

Val Asn Pro Arg Thr Ser Leu Arg Pro Gly Pro Asp Pro Pro Pro Pro

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

176/359

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

Pro Gly

<210> 254

<211> 56

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20874 right: 21041 frame: 1 size(aa): 56

<400> 254

Pro Pro Ala Thr Ala Val Ile Pro Leu Leu His Leu Arg His Tyr Ser
 1 5 10 15

Arg Cys Gln Pro Pro His Gln Pro Ser Thr Gly Thr Arg Ser Ser Ser
 20 25 30

Thr Cys Arg Ser Ser Gly Arg Thr Ser Pro Arg Pro Gly Thr Gly Arg
 35 40 45

Ser Gly Pro Gly Glu Arg Thr Arg
 50 55

<210> 255

<211> 63

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20901 right: 21089 frame: -1 size(aa): 63

<400> 255

Arg Arg Pro Gly Pro Trp Pro Arg Ser Gly Ala Ser Ser Arg Leu Leu
 1 5 10 15

Pro Cys Pro Leu Ala Trp Ala Arg Ser Pro Gly Thr Gly Ser Trp Arg
 20 25 30

Cys Pro Ser Gly Gly Ala Thr Gly Gly Gly Gly Ser Gly Pro Gly Arg
 35 40 45

Arg Leu Val Arg Gly Leu Thr Ser Ala Ile Val Ser Glu Val Glu
 50 55 60

<210> 256

<211> 66

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 20911 right: 21108 frame: -2 size(aa): 66

<400> 256

Leu Leu Asn Pro Trp Val Thr Ala Ser Trp Thr Val Ala Pro Val Arg
 1 5 10 15

Gly Val Val Gln Ala Phe Thr Leu Ser Ser Arg Leu Gly Gln Ile Ala
 20 25 30

Arg Tyr Arg Val Val Ala Met Ser Phe Arg Arg Ser Asp Arg Trp Arg
 35 40 45

Arg Ile Trp Ser Arg Ser Lys Ala Gly Ala Gly Val Asp Ile Cys Tyr
 50 55 60

Ser Val
 65

<210> 257
 <211> 738
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 20921 right: 23134 frame: 3 size(aa): 738

<400> 257

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

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

Thr Gly Asn Arg Arg Tyr Val Val Val Pro Val Asn Gln Arg Ile Asp
 595 600 605
 Ser Glu Arg Leu Glu Gln Met Arg Asp Gln Ile Trp Ala Thr Ala Leu
 610 615 620
 Arg Glu Tyr Arg Ser Gly Lys Leu Trp Tyr Leu Asp Glu Glu Glu Leu
 625 630 635 640
 Glu Ile Asn Ala Lys Arg Asn Lys Gly Leu Glu Val Glu Asp Ala Trp
 645 650 655
 Val Gly Thr Ile Gln Met His Leu Asn Ser Ser Ile Asp Leu Glu Arg
 660 665 670
 Leu Thr Asp Gly Arg Tyr Gly Ile Asn Ile Glu Ser Val Tyr Leu Lys
 675 680 685
 Ile Glu Pro Glu Val Gly Arg Arg Gly Pro Gly Phe Gly Lys Arg Ile
 690 695 700
 Arg Asp Thr Met Leu Ser Leu Gly Trp Glu Pro Val Arg Leu Arg Leu
 705 710 715 720
 Ala Ser Asp Pro Ser Gly Asn Pro Val Arg Arg Trp Ala Pro Val Gln
 725 730 735

Gly Gly

<210> 258
 <211> 375
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 20930 right: 22054 frame: -3 size(aa): 375

<400> 258

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

181/359

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

<210> 259

<211> 56

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

182/359

<223> >New ORF = left: 21112 right: 21279 frame: -2 size(aa): 56

<400> 259

Trp	Trp	Ile	Asp	Leu	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Trp	Lys	Leu	Gly	Arg	Gly
1				5					10					15	

Arg	Pro	Gln	Ala	Ser	Gln	Ala	Pro	Thr	Cys	Gln	Ala	Arg	Ser	Pro	Ser
			20					25					30		

Ser	His	Ser	Pro	Lys	Met	Ala	Leu	Thr	Leu	Val	Ile	Ser	Ala	Ser	Glu
		35					40					45			

Ser	Pro	Pro	Ser	Pro	Thr	Thr	Met
	50					55	

<210> 260

<211> 72

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21123 right: 21338 frame: 1 size(aa): 72

<400> 260

Ala	Thr	Ala	Ala	Thr	Pro	Thr	Pro	Arg	Ser	Pro	Val	Ser	Thr	Pro	Ser
1				5					10					15	

Ser	Ala	Ser	Gly	Thr	Thr	Ala	Thr	Trp	Pro	Gly	Arg	Ser	Ala	Pro	Gly
			20					25					30		

Arg	Pro	Ala	Ala	Cys	Arg	Gly	Arg	Ala	Ser	Ser	Cys	Ala	Pro	Gly	Ala
			35				40					45			

Ser	Arg	Ser	Thr	Thr	Thr	Gly	Cys	Ser	Thr	Ala	Leu	Trp	Thr	Ser	Arg
		50				55					60				

Pro	Gly	Pro	Ser	Ser	Arg	Pro	Ala
65					70		

<210> 261

<211> 93

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21162 right: 21440 frame: -1 size(aa): 93

<400> 261

Arg	Ser	Gly	Pro	Pro	Pro	Arg	Cys	Ala	Gly	Gly	Gly	Ser	Arg	Pro	Gly
1				5					10					15	

Ala	Ser	Pro	Gly	Arg	Gly	Ser	Gly	Ser	Ser	Cys	Arg	Ser	Arg	Pro	Gly
			20					25					30		

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

183/359

Arg Ser Gly Gly Pro Gly Ala Arg Ser Arg Pro Gly Arg Pro Gln Gly
 35 40 45

Cys Gly Thr Pro Ser Ser Gly Gly Ser Thr Cys Pro Arg Cys Ala Ala
 50 55 60

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

Arg Pro Gly Arg Arg Arg Pro Thr Arg Arg Arg Trp Arg
 85 90

<210> 262

<211> 59

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21283 right: 21459 frame: -2 size(aa): 59

<400> 262

Ser Ser Pro Val Ala Leu Lys Ile Trp Ala Thr Ser Pro Val Arg Trp
 1 5 10 15

Trp Gly Gln Pro Ala Arg Arg Ile Thr Arg Glu Gly Phe Arg Phe Val
 20 25 30

Val Ser Lys Pro Ala Arg Ala Ile Arg Arg Ala Trp Ser Ser Val Gln
 35 40 45

Ala Gly Thr Ser Thr Gly Leu Trp Asn Thr Gln
 50 55

<210> 263

<211> 103

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21390 right: 21698 frame: 1 size(aa): 103

<400> 263

Cys Ala Trp Pro Ala Ala Pro Thr Ser Ala Pro Gly Arg Trp Pro Arg
 1 5 10 15

Ser Ser Thr Arg Pro Gly Ser Ser Thr Thr Pro Gly Arg Cys Cys Arg
 20 25 30

Ser Cys Pro Arg Cys Arg Ser Thr Arg Arg Leu Pro Pro Arg Trp Pro
 35 40 45

Arg Glu Val Pro Pro Val Arg Trp Thr Thr Ser Gly Pro Pro Trp Pro
 50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

184/359

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

Ala Thr Ser Ser Gly Ala Trp Leu Arg Pro Ser Arg Arg Pro Ala Ala
85 90 95

Pro Gly Thr Arg Pro Trp Pro
100

<210> 264

<211> 69

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21444 right: 21650 frame: -1 size(aa): 69

<400> 264

Pro Gly Pro Arg Gly Cys Cys Gly Thr Arg Arg Arg Cys Arg Ser Leu
1 5 10 15

Pro Arg Asp Gly Val Gly Ser Gly Pro Gly Arg Pro Gly Cys Arg Pro
20 25 30

Ser Asn Trp Gly His Leu Pro Gly Pro Pro Gly Arg Gln Pro Ala Gly
35 40 45

Arg Ser Ala Pro Gly Ala Gly Pro Ala Ala Ser Ala Arg Gly Arg Arg
50 55 60

Ala Pro Arg Ser Arg
65

<210> 265

<211> 51

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21463 right: 21615 frame: -2 size(aa): 51

<400> 265

Val Pro Leu Pro Ala Pro Gly Arg Gly Gly Ile Trp Ala Arg Ala Ala
1 5 10 15

Arg Met Ser Ser Ile Glu Leu Gly Ala Pro Pro Gly Ala Thr Gly Ala
20 25 30

Ala Ala Gly Gly Ser Ile Gly Thr Gly Gly Arg Thr Cys Ser Ile Cys
35 40 45

Pro Gly Ser
50

<210> 266

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

185/359

<211> 60
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 21619 right: 21798 frame: -2 size(aa): 60

<400> 266

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

<210> 267
 <211> 256
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 21655 right: 22422 frame: 2 size(aa): 256

<400> 267

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

186/359

Leu Ala Asp Arg Ala Pro Asp Arg Leu Gln Pro Ala Arg Gly Pro Arg
145 150 155 160

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

Asp Arg Arg Pro Ala Ala Pro Arg Pro Gly Val Pro Gln His Leu His
180 185 190

Asp Ala Pro Ala Arg Arg Gly Leu Gly Arg His Arg Gln Arg Pro Ala
195 200 205

Gly Pro Arg Ala Gln Arg Val Arg Leu Gln Arg His Pro Gln Val Ala
210 215 220

Asp Leu Arg Arg Gly Pro Gly Leu Pro Ala Arg Leu Pro Leu Arg Leu
225 230 235 240

His Ala Gly Ala Gly Trp Arg Pro Ala Asp Ala Gln Asp Pro Val Leu
245 250 255

<210> 268

<211> 103

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21702 right: 22010 frame: 1 size(aa): 103

<400> 268

Cys Arg Arg Thr Ala Pro Arg Ala Gly Ile Ala Pro Arg Trp Pro Ala
1 5 10 15

Pro Gly Ala Arg Arg Ser Ala Pro Gly Arg Ser Gly Gly Met Arg Cys
20 25 30

Pro Thr Ala Gly His Arg Arg Arg Arg Pro Arg Ser Arg Arg Pro Arg
35 40 45

Pro Ala Arg Cys Arg Pro Trp Pro Pro Cys Ser Arg Pro Gln Arg Pro
50 55 60

Pro Leu Glu Pro Ala Pro Ser Thr Ala Pro Gly Arg Arg Cys Pro Arg
65 70 75 80

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

Pro Pro Thr Asn Trp Pro Cys
100

<210> 269

<211> 73

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

187/359

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21768 right: 21986 frame: -1 size(aa): 73

<400> 269

Ser Ala Arg Pro Trp Ala Gly Pro Pro Cys Ser Cys Pro Ala Ser Pro
 1 5 10 15

Gly Ala Ala Ala Pro Arg Gly Arg Ala Arg Cys Arg Phe Gln Gly Arg
 20 25 30

Pro Leu Arg Pro Gly Ala Arg Arg Pro Arg Pro Ala Pro Gly Gly Pro
 35 40 45

Gly Ala Ala Ala Pro Gly Pro Ser Ser Ala Val Pro Ser Arg Arg Thr
 50 55 60

Ser His Ala Thr Arg Thr Ser Arg Cys
 65 70

<210> 270

<211> 64

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 21802 right: 21993 frame: -2 size(aa): 64

<400> 270

Val Val Ile Cys Glu Ala Leu Gly Arg Pro Ser Leu Phe Val Pro Cys
 1 5 10 15

Gln Pro Gly Gly Ser Gly Ala Gln Gly Pro Cys Ser Val Pro Val Pro
 20 25 30

Gly Ala Ala Ser Ala Ala Trp Ser Thr Ala Ala Thr Ala Gly Thr Trp
 35 40 45

Arg Ala Trp Gly Gly Gly Ser Gly Ala Phe Phe Gly Gly Ala Gln Pro
 50 55 60

<210> 271

<211> 104

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22014 right: 22325 frame: 1 size(aa): 104

<400> 271

Cys Arg Ser Pro Cys Gly Gly Cys Ser Gly Thr Thr Arg Cys Gln Ala
 1 5 10 15

Lys Ser Cys Thr Ala Arg Arg Pro Ser Arg Arg Ser Ser Ser Arg Ser

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

188/359

```

                20             25             30
Pro Thr Ala Gly Ser Arg Ala Ser Ala Thr Arg Ser Pro Arg Arg Thr
   35             40             45
Pro Arg Pro Pro Ser Cys Arg Arg Arg Ser Pro Thr Cys Gly Thr Pro
   50             55             60
Ser Gly Ser Thr Ser Thr Pro Ala Arg Arg Pro Cys Pro Thr Arg Ser
  65             70             75             80
Gly Pro Thr Ser Pro Thr Pro Cys Trp Ala Pro Gly Thr Ala Arg Ser
             85             90             95
Thr Pro Ala Pro Ser Ala Ser Gly
      100

<210> 272
<211> 126
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> >New ORF = left: 22058 right: 22435 frame: -3 size(aa): 126

<400> 272

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

<210> 273
<211> 158
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> >New ORF = left: 22138 right: 22611 frame: -2 size(aa): 158

```


<400> 273

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

<210> 274

<211> 51

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22221 right: 22373 frame: -1 size(aa): 51

<400> 274

Ser Arg Arg Gly Ser Arg Ala Gly Arg Pro Gly Pro Arg Arg Arg Ser
 1 5 10 15
 Ala Thr Cys Gly Trp Arg Trp Ser Arg Thr Arg Cys Ala Arg Gly Pro
 20 25 30
 Ala Gly Arg Trp Arg Cys Arg Pro Arg Pro Arg Arg Ala Gly Ala Ser
 35 40 45
 Cys Arg Cys
 50

<210> 275

<211> 54

<212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

190/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22329 right: 22490 frame: 1 size(aa): 54

<400> 275

Ser	Ser	Pro	Trp	Pro	Gly	Ser	Ser	Ser	Pro	Ala	Ala	Pro	Ser	Ala	Ser
1				5					10					15	

Cys	Trp	Cys	Trp	Leu	Ala	Pro	Ser	Arg	Cys	Thr	Arg	Pro	Gly	Ser	Leu
			20					25					30		

Thr	Pro	Trp	Pro	Gln	Thr	Ser	Gly	Ser	Trp	Ala	Asp	Ser	Ser	Gly	Ala
		35					40					45			

Ala	Leu	Thr	Pro	Thr	Thr
	50				

<210> 276

<211> 177

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22439 right: 22969 frame: -3 size(aa): 177

<400> 276

Leu	Asp	Val	Asp	Ala	Val	Ala	Pro	Val	Gly	Gln	Pro	Leu	Gln	Val	Asp
1				5					10					15	

Arg	Ala	Ile	Gln	Val	His	Leu	Asp	Arg	Pro	His	Pro	Gly	Val	Leu	His
			20					25					30		

Leu	Lys	Ala	Leu	Val	Ala	Phe	Arg	Val	Asp	Leu	Gln	Leu	Leu	Leu	Val
		35					40					45			

Glu	Val	Pro	Glu	Leu	Ala	Ala	Ala	Val	Leu	Pro	Glu	Gly	Gly	Cys	Pro
	50					55					60				

Asp	Leu	Val	Ser	His	Leu	Leu	Gln	Ala	Leu	Ala	Val	Asp	Pro	Leu	Val
65					70					75					80

Asp	Gly	His	Asp	His	Val	Pro	Pro	Val	Ala	Gly	Arg	Val	Gly	Glu	Glu
				85					90					95	

Pro	Ile	Pro	Ala	Val	Arg	Arg	Pro	Ala	Glu	Asp	Glu	Ala	Pro	Gly	Ala
			100					105						110	

Ala	Phe	Val	Arg	Gly	Gly	Val	Gly	Pro	Pro	Glu	His	Val	His	Leu	Pro
		115					120					125			

Val	Asp	His	Arg	Leu	Glu	Leu	Gly	Ala	Val	Val	Leu	Gly	Glu	Ala	Ala
	130					135					140				

Val	Glu	Leu	Pro	Pro	Leu	Gly	Asp	Pro	Gly	Pro	Val	Gln	Gly	Asn	Gln

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

191/359

145 150 155 160

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

 165 170 175

Val

<210> 277

<211> 130

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22480 right: 22869 frame: 2 size(aa): 130

<400> 277

His Arg Arg Pro Asp Cys Pro Ala Pro Val Leu Asp His Arg Val Gly

1 5 10 15

Gly Ala Arg Arg Arg Pro Leu Gln Ala Arg Gln Arg Arg Ala Gln Gly

 20 25 30

Asp Asp Arg Pro Glu Gly Gly Arg Ala Pro Glu Ala Leu Arg Arg His

 35 40 45

Ala Arg Lys Leu Pro Pro Glu Leu Arg Pro Leu Arg Asp Asp Glu Pro

 50 55 60

Pro Gly Trp Ala Leu His Arg Pro Asp Arg Gln Gln Ala Val Arg Gly

65 70 75 80

Arg Ala Arg Gln Pro Ala Asp Arg Gln Arg Ala Pro Gly Ala Asp Ala

 85 90 95

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

 100 105 110

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

 115 120 125

Gly Pro

130

<210> 278

<211> 110

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22581 right: 22910 frame: 1 size(aa): 110

<400> 278

Ser Thr Gly Arg Trp Thr Cys Ser Gly Gly Pro Thr Pro Pro Arg Thr

1 5 10 15

Lys Ala Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ser Ala Gly Arg Arg Thr Ala Gly
20 25 30

Met Gly Ser Ser Pro Thr Arg Pro Ala Thr Gly Gly Thr Trp Ser Cys
35 40 45

Pro Ser Thr Ser Gly Ser Thr Ala Ser Ala Trp Ser Arg Cys Glu Thr
50 55 60

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

Thr Ser Thr Arg Arg Ser Trp Arg Ser Thr Arg Asn Ala Thr Arg Ala
85 90 95

Leu Arg Trp Arg Thr Pro Gly Trp Gly Arg Ser Arg Cys Thr
100 105 110

<210> 279

<211> 112

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22615 right: 22950 frame: -2 size(aa): 112

<400> 279

Arg Pro Ser Val Ser Arg Ser Arg Ser Ile Glu Leu Phe Arg Cys Ile
1 5 10 15

Trp Ile Val Pro Thr Gln Ala Ser Ser Thr Ser Arg Pro Leu Leu Arg
20 25 30

Phe Ala Leu Ile Ser Ser Ser Ser Ser Arg Tyr Gln Ser Leu Pro
35 40 45

Leu Arg Tyr Ser Arg Arg Ala Val Ala Gln Ile Trp Ser Arg Ile Cys
50 55 60

Ser Arg Arg Ser Leu Ser Ile Arg Trp Leu Thr Gly Thr Thr Thr Tyr
65 70 75 80

Arg Leu Leu Pro Val Gly Ser Val Lys Ser Pro Ser Arg Arg Phe Val
85 90 95

Val Pro Gln Arg Thr Lys Leu Arg Gly Gln Leu Ser Cys Val Ala Ala
100 105 110

<210> 280

<211> 134

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22918 right: 23319 frame: 2 size(aa): 134

<400> 280

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

<210> 281

<211> 105

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 22973 right: 23287 frame: -3 size(aa): 105

<400> 281

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

194/359

100

105

<210> 282
 <211> 161
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 22978 right: 23460 frame: -2 size(aa): 161

<400> 282

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

<210> 283
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 22983 right: 23312 frame: -1 size(aa): 110

<400> 283

Pro	Pro	Phe	Phe	Leu	Ser	Leu	Leu	Gly	Gly	Gly	Trp	His	Asn	Ser	Thr	1	5	10	15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

195/359

Thr Gly Gly Ile Gly Pro Trp Asp Gly Gln Ile Arg Gly Ala Asn Pro
 20 25 30

Ser Arg Thr Pro Pro Ala Arg Pro Gly Thr Val Ala Arg Thr Val Ser
 35 40 45

Pro Cys Ala Thr Val Pro Thr Ile Pro Cys Ala Thr Pro Pro Gly Arg
 50 55 60

Ala Pro Asn Ala Ser Pro Gly Cys Arg Ser Gly Arg Trp Arg Asp Ala
 65 70 75 80

Ala Ala Arg Ala Pro Ser Pro Gly Ser Ala Trp Cys Pro Gly Ser Ala
 85 90 95

Phe Arg Ser Pro Gly His Gly Val Pro Pro Arg Ala Arg Ser
 100 105 110

<210> 284

<211> 60

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23109 right: 23288 frame: 1 size(aa): 60

<400> 284

Gly Val Gly Arg Pro Ser Arg Gly Gly Ser Thr Gly Asp Gly Arg Asn
 1 5 10 15

Gly Gly Thr Gly Arg His Ser Pro Cys His Cys Ala Gly Pro Cys Arg
 20 25 30

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

Asp Ser Pro Cys Cys Ala Val Val Pro Pro Pro Pro
 50 55 60

<210> 285

<211> 139

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23138 right: 23554 frame: 3 size(aa): 139

<400> 285

His Arg Gly Trp Ser Glu Arg Trp His Arg Ala Thr Gln Ser Val Pro
 1 5 10 15

Leu Cys Arg Ala Val Pro Gly Gly Ser Gly Arg Gly Trp His Leu Glu
 20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

196/359

Ser Ala Arg Pro Thr Ala Arg Phe Pro Leu Leu Cys Cys Cys Ala Thr
 35 40 45

Pro Pro Leu Gly Glu Arg Glu Lys Lys Gly Val Arg Ser Asn Arg Val
 50 55 60

Ile Pro Gly Asn Arg Gly Thr Gly Glu Arg Arg Ser Asp Ser Thr Ala
 65 70 75 80

Arg Arg His Arg Pro Pro Ala Gly Pro Pro His Arg Ala Val Pro Pro
 85 90 95

Arg Asp Ser Val Glu Thr Gly Pro Leu Pro Pro Cys Tyr Thr Gly Asp
 100 105 110

Asp Asn Asp Ala Ile Glu Arg Pro Cys Cys Ser Pro Thr Cys Pro Asn
 115 120 125

Gly Arg Ala Lys His Pro Arg Thr Cys Leu Thr
 130 135

<210> 286
 <211> 251
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 23316 right: 24068 frame: -1 size(aa): 251

<400> 286

His Pro Glu Arg Gln Gly Ala Ile Pro Pro Asp Asn Thr Leu Arg Gln
 1 5 10 15

Thr Glu Gln Val Pro Gln Asp Glu Pro Leu Gly Val Gly Ala Lys Leu
 20 25 30

Gln Glu Leu Gly Pro Asp Arg Pro Leu Pro Gly Asp Leu Asp Gly Leu
 35 40 45

Pro Ala Glu His Val Pro Leu Gly Arg Gln Gly Leu Leu Asp Ala Gly
 50 55 60

Gln Arg Arg Arg His Leu Val Gly Ile Lys Glu Pro Glu Gly Ala Thr
 65 70 75 80

Lys Ala Arg His Arg Gln Phe Gly Val Gly His Leu Gly Gly Gly Gly
 85 90 95

Gln Gln Val Phe Asp Arg His Pro Leu Arg Arg Ser Ser Gln Ala Arg
 100 105 110

Val Ser Ser Ala Gln Thr Ile Ala Ser Ala Arg Ser Leu Leu Glu Ile
 115 120 125

Val Gln Pro Cys Arg Gln Arg Phe Thr Tyr Ser Val Ala Ser Ile Arg
 130 135 140

Ser Cys Trp Val Val Pro Gly Arg Arg Ser Leu Lys Lys Arg Asn Ser

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

197/359

145 150 155 160
 Arg Leu Leu Ser Val Ser Lys Ser Met Lys Ala Thr Ser Asp Arg Ser
 165 170 175
 Gly Gly Val Ser Pro Ser His Ser Gly Met Ser Glu Asn Ser Met Val
 180 185 190
 Ala Arg Leu Arg Arg Cys His Pro Gln Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Ala
 195 200 205
 Arg Ser Arg Leu Ser Pro Gly Val Gly Arg Pro Gly Gly Gly Val Pro
 210 215 220
 Gln Gly Val Cys Ala Val Val Pro Cys Cys Arg Ser Ser Phe Pro Pro
 225 230 235 240
 Phe Pro Gly Ser Pro Val Ser Pro Cys Tyr Ser
 245 250

<210> 287
 <211> 50
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 23323 right: 23472 frame: 2 size(aa): 50

<400> 287

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

<210> 288
 <211> 73
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 23331 right: 23549 frame: 1 size(aa): 73

<400> 288

Tyr Arg Gly Thr Gly Glu Arg Gly Lys Gly Gly Ala Thr Ala Arg His
 1 5 10 15
 Asp Gly Thr Asp Pro Leu Arg Asp Pro Pro Thr Gly Pro Ser His Pro
 20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

198/359

Gly Thr Gln Ser Arg Pro Gly Pro Ser Arg Arg Ala Ile Leu Gly Met
 35 40 45

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

Gly Gly Arg Asn Thr Pro Gly Pro Val
 65 70

<210> 289

<211> 156

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23464 right: 23931 frame: -2 size(aa): 156

<400> 289

Arg Pro Ser Cys Arg Ala Arg Thr Pro Trp Pro Pro Gly Ala Ala Arg
 1 5 10 15

Arg Arg Pro Glu Thr Ser Ala Ser Arg Gly Asp Gln Gly Thr Gly Gly
 20 25 30

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

Gly Trp Pro Ala Gly Leu Arg Ser Ser Ser Phe Glu Ala Glu Leu Pro
 50 55 60

Gly Pro Arg Phe Phe Gly Pro Asp His Arg Val Gly Gln Val Thr Leu
 65 70 75 80

Gly Asp Arg Pro Ala Met Pro Ala Glu Ile His Val Leu Gly Gly Gln
 85 90 95

His Pro Val Val Leu Gly Gly Ala Arg Gln Ala Val Ala Lys Glu Ala
 100 105 110

Gln Leu Gln Ala Pro Gln Arg Phe Gln Glu His Glu Gly Tyr Val Arg
 115 120 125

Gln Val Arg Gly Cys Phe Ala Leu Pro Phe Gly His Val Gly Glu Gln
 130 135 140

His Gly Arg Ser Ile Ala Ser Leu Ser Ser Pro Val
 145 150 155

<210> 290

<211> 95

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23476 right: 23760 frame: 2 size(aa): 95

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

199/359

<400> 290

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

<210> 291

<211> 62

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23663 right: 23848 frame: 3 size(aa): 62

<400> 291

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

<210> 292

<211> 109

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23700 right: 24026 frame: 1 size(aa): 109

<400> 292

Pro Gly Arg Arg Asp Gly Leu Gly Arg Arg Asn Ala Gly Leu Gly Ala
 1 5 10 15
 Pro Pro Gln Arg Met Thr Ile Glu Asp Leu Leu Ala Thr Pro Thr Glu

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

200/359

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

<210> 293
 <211> 108
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 23756 right: 24079 frame: -3 size(aa): 108

<400> 293

Thr Tyr Tyr Ser Ile Pro Asn Gly Arg	Ala Gln Tyr Pro Arg Thr Ile
1	15
Arg Tyr Asp Arg Arg Ser Arg Phe Leu Lys Thr Ser Arg	Leu Glu Trp
20	30
Gly Arg Ser Ser Arg Ser Ser Ala Arg Ile Ala Leu Cys Gln Ala Thr	
35	45
Leu Thr Ala Phe Leu Pro Ser Thr Tyr Pro Leu Ala Ala Arg Gly Cys	
50	60
Ser Thr Gln Ala Arg Asp Val Gly Ile Ser Trp Gly Ser Arg Asn Arg	
65	80
Arg Ala Gln Arg Arg Leu Asp Thr Ala Ser Ser Gly Trp Ala Thr Ser	
85	95
Val Gly Val Ala Ser Arg Ser Ser Ile Val Ile Leu	
100	105

<210> 294
 <211> 80
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> >New ORF = left: 23764 right: 24003 frame: 2 size(aa): 80

<400> 294

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

201/359

Arg Ser Lys Thr Cys Trp Pro Pro Pro Pro Arg Trp Pro Thr Pro Asn
1 5 10 15

Trp Arg Cys Arg Ala Phe Val Ala Pro Ser Gly Ser Leu Ile Pro Thr
20 25 30

Arg Cys Arg Arg Leu Trp Pro Ala Ser Ser Ser Pro Trp Arg Pro Arg
35 40 45

Gly Thr Cys Ser Ala Gly Arg Pro Ser Arg Ser Pro Gly Lys Gly Arg
50 55 60

Ser Gly Pro Ser Ser Trp Ser Phe Ala Pro Thr Pro Ser Gly Ser Ser
65 70 75 80

<210> 295

<211> 194

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23852 right: 24433 frame: 3 size(aa): 194

<400> 295

Ser Pro Arg Asp Ala Asp Val Ser Gly Leu Arg Arg Ala Ala Pro Gly
1 5 10 15

Gly Gln Gly Val Arg Ala Arg Gln Glu Gly Arg Gln Gly Arg Leu Ala
20 25 30

Lys Gly Asp Pro Gly Arg Ala Pro Gly Ala Ser Pro Pro Leu Gln Ala
35 40 45

Ala Arg Leu Glu Glu Pro Ala Pro Ser Val Val Ala Tyr Cys Pro Gly
50 55 60

Val Leu Arg Pro Ala Val Arg Asp Ala Ile Ile Arg Ser Glu His Arg
65 70 75 80

Lys Asn Gln Trp Pro Ser Pro Pro Ser Ser Arg Pro Pro Thr Phe Pro
85 90 95

Pro Pro Pro Lys Ala Trp Ser Phe Ala Thr Cys Arg Pro Arg Ser Pro
100 105 110

Ala Ser Pro Ala Pro Arg Cys Pro Ser Arg Pro Pro Arg Cys Asn Arg
115 120 125

Pro Trp Pro Ala Pro Ala Thr Thr Pro Pro Pro Arg Lys Pro Pro Ser
130 135 140

Ser Gly Pro Pro Pro Pro Pro Pro Arg Cys Pro Trp Pro Pro Ile Ala
145 150 155 160

Pro Ala Arg Pro Ser Thr Gly Pro Ser Pro Ser Cys Arg Ser Pro Asp
165 170 175

Pro Pro Ala Lys Arg Gly Gly Pro Ser Arg Ala Ser Pro Val Ile Leu
 180 185 190

Arg Pro

<210> 296

<211> 172

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 23935 right: 24450 frame: -2 size(aa): 172

<400> 296

His Arg Tyr Leu Ser His Gly Arg Ser Ile Thr Gly Glu Ala Arg Glu
 1 5 10 15

Gly Pro Pro Arg Leu Ala Gly Gly Ser Gly Asp Arg Gln Asp Gly Asp
 20 25 30

Gly Pro Val Glu Gly Leu Ala Gly Ala Ile Gly Gly Gln Gly His Leu
 35 40 45

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Pro Glu Leu Gly Gly Phe Leu Gly Gly Gly
 50 55 60

Val Val Ala Gly Ala Gly Gln Gly Leu Leu His Leu Gly Gly Arg Leu
 65 70 75 80

Gly His Leu Gly Ala Gly Glu Ala Gly Asp Arg Gly Leu Gln Val Ala
 85 90 95

Asn Asp Gln Ala Leu Gly Gly Gly Gly Lys Val Gly Gly Leu Asp Glu
 100 105 110

Gly Gly Glu Gly His Trp Phe Phe Leu Cys Ser Glu Arg Ile Ile Ala
 115 120 125

Ser Arg Thr Ala Gly Arg Asn Thr Pro Gly Gln Tyr Ala Thr Thr Asp
 130 135 140

Gly Ala Gly Ser Ser Arg Arg Ala Ala Trp Ser Gly Gly Glu Ala Pro
 145 150 155 160

Gly Ala Arg Pro Gly Ser Pro Phe Ala Arg Arg Pro
 165 170

<210> 297

<211> 123

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 24007 right: 24375 frame: 2 size(aa): 123

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

203/359

<400> 297

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

<210> 298

<211> 60

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 24072 right: 24251 frame: -1 size(aa): 60

<400> 298

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

<210> 299

<211> 220

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 24075 right: 24734 frame: 1 size(aa): 220

<400> 299

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

204/359

Tyr Val Gln Asn Thr Gly Lys Thr Asn Gly Pro Arg Leu Leu His Pro
1 5 10 15

Asp His Arg Pro Phe Arg Arg His Pro Arg Pro Gly His Ser Pro Pro
20 25 30

Ala Asp Arg Asp Leu Leu Pro His Pro His Arg Asp Ala Gln Val Gly
35 40 45

His Arg Gly Ala Thr Gly Pro Gly Arg Arg Arg Leu Arg Arg His His
50 55 60

Arg Gly Ser Arg Arg Ala Leu Asp Arg Arg Arg His Arg Pro Gly Ala
65 70 75 80

Pro Gly Leu Gln Ser His Pro Gln Gly Pro Leu Pro Gly Arg Arg Arg
85 90 95

Pro Ala Gly Arg Leu Thr Arg Arg Pro Asn Glu Gly Gly Pro Pro Gly
100 105 110

Pro Pro Arg Leu Tyr Ser Ala His Asp Ser Gly Ile Asp Val Thr Ala
115 120 125

Gly Pro Gly Gly Ala Pro Gly Arg Ala Thr Ala Arg Arg Arg Ala Glu
130 135 140

Val Arg His Cys Ala Pro Asp Asp Gly Leu Ser Gly Arg Val Arg His
145 150 155 160

Leu Gly Ala Gly Gly Leu Gln Ala Asp Pro Gly Arg Gln Gly Gln Thr
165 170 175

Gly His Arg Pro Arg Cys Gly Gly Pro Val Arg Gly Asp Gly Cys His
180 185 190

Pro Gly Pro Leu Gly Val Gly Leu Cys Trp Gly Asp Ala Glu Arg Gly
195 200 205

Leu Gly Leu Arg Leu Gln Gly Pro Ala Gly His Leu
210 215 220

<210> 300

<211> 106

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> >New ORF = left: 24194 right: 24511 frame: -3 size(aa): 106

<400> 300

Arg Thr Ser Ala Arg Leu Arg Ala Val Ala Leu Pro Gly Ala Pro Pro
1 5 10 15

Gly Pro Ala Val Thr Ser Ile Pro Glu Ser Trp Ala Glu Tyr Asn Arg
20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

205/359

Gly Gly Pro Gly Gly Pro Pro Ser Phe Gly Arg Arg Val Arg Arg Pro
 35 40 45

Ala Gly Arg Arg Arg Pro Gly Arg Gly Pro Cys Gly Cys Asp Trp Arg
 50 55 60

Pro Gly Ala Pro Gly Arg Trp Arg Arg Arg Ser Arg Ala Arg Arg Leu
 65 70 75 80

Pro Arg Trp Trp Arg Arg Ser Arg Arg Arg Pro Gly Pro Val Ala Pro
 85 90 95

Arg Trp Pro Thr Trp Ala Ser Arg Cys Gly
 100 105

<210> 301

<211> 126

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24379 right: 24756 frame: 2 size(aa): 126

<400> 301

Pro Ala Gly Gln Thr Arg Gly Ala Leu Pro Gly Leu Pro Gly Tyr Thr
 1 5 10 15

Pro Pro Met Thr Gln Val Ser Met Ser Arg Arg Asp Gln Val Glu His
 20 25 30

Leu Val Glu Leu Leu Arg Glu Gly Gly Gln Lys Ser Val Thr Ala His
 35 40 45

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

Phe Lys Arg Ile Arg Asp Ala Lys Ala Lys Leu Ala Thr Gly Leu Asp
 65 70 75 80

Ala Val Asp Arg Ser Glu Glu Met Ala Ala Thr Leu Ala Arg Trp Glu
 85 90 95

Ser Val Phe Ala Gly Ala Met Arg Ser Glu Asp Trp Gly Ser Ala Cys
 100 105 110

Lys Ala Leu Gln Gly Ile Cys Asn Met Leu Gly Leu Lys Pro
 115 120 125

<210> 302

<211> 113

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24441 right: 24779 frame: -1 size(aa): 113

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

206/359

<400> 302

```

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

```

Thr

<210> 303

<211> 87

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24487 right: 24747 frame: -2 size(aa): 87

<400> 303

```

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

```

<210> 304

<211> 73

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

207/359

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24530 right: 24748 frame: 3 size(aa): 73

<400> 304

Arg Ser Val Trp Thr Ser Ser Ala Ser Arg Arg Arg Arg Pro Ser Ser
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Pro Arg Pro Asn Trp Pro Pro Ala Ser Met Arg Trp
20 25 30

Thr Gly Pro Arg Arg Trp Leu Pro Pro Trp Pro Ala Gly Ser Arg Ser
35 40 45

Leu Leu Gly Arg Cys Gly Ala Arg Thr Gly Ala Pro Pro Ala Arg Pro
50 55 60

Cys Arg Ala Ser Val Thr Cys Trp Gly
65 70

<210> 305

<211> 784

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24575 right: 26926 frame: -3 size(aa): 784

<400> 305

Glu Gly Pro Ala Ser Gly Val Gly Asp Gly Ala Asp Arg Trp Gly Pro
1 5 10 15

Arg Arg Pro Val Ala Leu Pro Ser Tyr Pro Arg Gly Ser Gly Val Asp
20 25 30

Ser Glu Arg Arg Ile Ala Asp Gln Leu Asp Asp Arg His Gln Ala Gly
35 40 45

Leu Gly Val Asp Glu Leu Pro Ala Val Gly Ile Asp Gln Val Gly Val
50 55 60

Leu Gly Val Val Arg Gly Val Gly Leu Val Gly Asp Pro Glu Asp Pro
65 70 75 80

His Arg Ala Val Pro Val Gly Gly Glu His Leu Leu Glu Ala Glu Asp
85 90 95

Val Leu Pro Val Ala His Pro Glu Val Ala Leu Asp Ala Leu Pro Asp
100 105 110

Gly Ala Val Gly His Gln Val Asp Gly Val Leu Val Pro Ile Gly Gly
115 120 125

Val Asp Arg Arg Gly Glu Gln Val Val His Asp Asp Thr Glu Ala Ser
130 135 140

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

208/359

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

$\langle 210 \rangle$	306
$\langle 211 \rangle$	316

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

210/359

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24751 right: 25698 frame: -2 size(aa): 316

<400> 306

Ala Met Val Ala Ser Gln Val Val Val Tyr Val Thr Pro Ala Ala Ala
1 5 10 15

Phe Ile Trp Ala Ala Ser Ser Gly Phe Leu Ala Trp Ser Ala Ser Cys
20 25 30

Pro Val Arg Phe Gln Pro Ala Leu Val Gln Gly Leu Glu Thr Ser Ser
35 40 45

Ala Ala Leu Pro Pro Pro Pro Thr Gly Ala Ala Glu Thr Gly Val Pro
50 55 60

Met Pro Arg Pro Pro Leu Gly Ala Lys Trp Cys Ser Asn Pro Glu Leu
65 70 75 80

Gly Ala Leu Arg Leu Ala Thr Tyr Trp Ala Arg Ser Arg Ser Thr Pro
85 90 95

Pro Cys Arg Lys Ala Arg Pro Asp Ser Val Cys Arg Met Pro Pro Pro
100 105 110

Arg Met Val Tyr Ser Cys Ser Gly Ala Thr Thr Pro Ala Glu Trp Lys
115 120 125

Thr Ala Arg Ala Asp Asp Leu Ser Arg Ser Arg Cys Trp Pro Ser Phe
130 135 140

Ser Val Ser Ile Cys Val Leu Ser Val Ala Thr Ser Val Ser Arg Val
145 150 155 160

Ala Thr Val Cys Leu Ala Ala Ser Gln Arg Ala Leu Tyr Cys Cys Trp
165 170 175

Ser Ser Ser Leu Ala Ser Val Cys Ser Arg Ser Trp Arg Ser Arg Ser
180 185 190

Val Arg Arg Trp Leu Ser Ser Val Leu Val Trp Pro Arg Arg Cys Leu
195 200 205

Ser Cys Leu Thr Arg Ser Ser Leu Ala Arg Ala Ala Asp Ser Cys Trp
210 215 220

Ala Thr Ser Pro Leu Gly Ala Thr Gly Ala Ala Gly Ser Ala Ser Gly
225 230 235 240

Val Gly Ser Ala Thr Gly Gly Val Gly Val Cys Ala Ala Ile Arg Gly
245 250 255

Leu Ile Arg Gly Arg Ser Gln Arg Thr Arg Leu Arg Leu Gly Leu Thr
260 265 270

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

211/359

Leu Gly Phe Ala Gly Gly Leu Ala Gly Gly Gly Arg Leu Gly Arg His
 275 280 285

Val Leu Gly Val Pro Ala Gln Val Gly Ala Pro Gly Ala Gly His Pro
 290 295 300

Asp Leu Ile Gly Arg His Arg Ala Ser Ser Arg Phe
 305 310 315

<210> 307

<211> 53

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24752 right: 24910 frame: 3 size(aa): 53

<400> 307

Asn Leu Asp Glu Ala Arg Cys Leu Pro Ile Lys Ser Gly Cys Pro Ala
 1 5 10 15

Pro Gly Ala Pro Thr Trp Ala Gly Thr Pro Arg Thr Trp Arg Pro Arg
 20 25 30

Arg Pro Pro Pro Ala Arg Pro Pro Ala Asn Pro Arg Val Arg Pro Arg
 35 40 45

Arg Ser Leu Val Arg
 50

<210> 308

<211> 74

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24760 right: 24981 frame: 2 size(aa): 74

<400> 308

Arg Gly Pro Met Pro Ala Asn Gln Ile Trp Val Pro Gly Pro Trp Gly
 1 5 10 15

Pro Asp Leu Gly Arg Tyr Ala Glu Asp Val Ala Pro Glu Ala Pro Pro
 20 25 30

Thr Gly Lys Ala Ala Gly Lys Ser Lys Ser Lys Ala Lys Ala Lys Pro
 35 40 45

Arg Thr Leu Thr Pro Ser Ala Asn Gln Pro Pro Asn Gly Ser Ala Asn
 50 55 60

Pro Asp Pro Ala Ser Gly Gly Ala Asp Ala
 65 70

<210> 309

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

212/359

<211> 77
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 24888 right: 25118 frame: 1 size(aa): 77

<400> 309

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

<210> 310
 <211> 252
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 24914 right: 25669 frame: 3 size(aa): 252

<400> 310

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

213/359

Ser Ser Ala Leu Ala Val Phe His Ser Ala Gly Val Val Ala Pro Glu
130 135 140

Gln Leu Tyr Thr Ile Leu Gly Gly Gly Ile Arg Gln Thr Glu Ser Gly
145 150 155 160

Leu Ala Phe Leu Gln Gly Gly Val Glu Arg Asp Leu Ala Gln Tyr Val
165 170 175

Ala Ser Leu Lys Ala Pro Asn Ser Gly Phe Glu His His Phe Ala Pro
180 185 190

Ser Gly Gly Arg Gly Met Gly Thr Pro Val Ser Ala Ala Pro Val Gly
195 200 205

Gly Gly Gly Ser Ala Ala Glu Asp Val Ser Asn Pro Trp Thr Lys Ala
210 215 220

Gly Trp Asn Arg Thr Gly Gln Leu Ala Leu Gln Ala Lys Asn Pro Glu
225 230 235 240

Leu Ala Ala Gln Met Lys Ala Ala Ala Gly Val Thr
245 250

<210> 311

<211> 287

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 24985 right: 25845 frame: 2 size(aa): 287

<400> 311

Gly Arg Pro Arg Cys Ala Ser Gly Ala Gln Arg Arg Arg Arg Pro Ala
1 5 10 15

Ala Val Cys Gly Pro Cys Gln Ala Arg Pro Gly Gln Thr Gly Gln Ala
20 25 30

Ala Pro Gly Pro Asp Gln His Arg Ala Gln Pro Thr Pro Asp Arg Pro
35 40 45

Gly Ala Pro Ala Ser Gly Ala Asp Arg Gly Gln Ala Arg Gly Pro Ala
50 55 60

Ala Val Gln Gly Pro Leu Gly Gly Gly Gln Ala Asp Arg Gly Asp Pro
65 70 75 80

Arg Asp Arg Gly Gly His Ala Gln Asp Thr Asp Arg Asp Arg Glu Gly
85 90 95

Arg Pro Thr Ala Arg Thr Ala Gln Val Val Arg Pro Gly Arg Leu Pro
100 105 110

Phe Cys Arg Arg Gly Arg Ser Gly Ala Ala Val His His Pro Trp Trp
115 120 125

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

214/359

Arg His Pro Ala Asp Arg Ile Arg Pro Arg Leu Pro Ala Gly Gly Ser
130 135 140

Arg Ala Gly Pro Gly Pro Val Arg Gly Gln Pro Gln Gly Ala Gln Leu
145 150 155 160

Arg Ile Arg Ala Pro Leu Cys Pro Gln Arg Trp Ala Arg His Gly His
165 170 175

Pro Gly Leu Cys Gly Pro Arg Arg Trp Arg Trp Gln Arg Ser Arg Gly
180 185 190

Arg Leu Gln Pro Leu Asp Gln Ser Arg Leu Glu Pro Asp Arg Ala Thr
195 200 205

Gly Ala Pro Gly Gln Glu Pro Arg Ala Arg Arg Pro Asp Glu Gly Arg
210 215 220

Ser Arg Arg His Val Asn His His Leu Arg Gly His His Gly Ser Ser
225 230 235 240

Ser Pro Pro Gly Gln Leu Arg Gly Phe His His Pro His Pro Arg Arg
245 250 255

His Arg Leu Glu Arg Val Pro Gln Leu Gly His His Val Arg Arg Arg
260 265 270

Pro Gly Gly Ala Arg Gln Pro Pro Arg Val Arg Gly Arg His Pro
275 280 285

<210> 312

<211> 175

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 25122 right: 25646 frame: 1 size(aa): 175

<400> 312

Pro Thr Trp Ser Ala Ser Phe Gly Ser Arg Pro Arg Pro Ser Ser Arg
1 5 10 15

Thr Ser Ser Ser Thr Arg Pro Phe Gly Arg Arg Pro Ser Arg Pro Trp
20 25 30

Arg Pro Ser Arg Pro Arg Trp Pro Arg Ser Arg His Arg Ser Arg Pro
35 40 45

Arg Arg Lys Ala Asn Ser Ala Asn Gly Ser Ser Arg Pro Pro Trp Pro
50 55 60

Ser Ser Ile Leu Pro Ala Trp Ser Leu Arg Ser Ser Cys Thr Pro Ser
65 70 75 80

Leu Val Ala Ala Ser Gly Arg Pro Asn Pro Ala Ser Pro Ser Cys Arg
85 90 95

Gly Glu Ser Ser Gly Thr Trp Pro Ser Thr Trp Pro Ala Ser Arg Arg

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

215/359

100	105	110
Pro Thr Pro Asp Ser Ser Thr Thr Leu Pro Pro Ala Val Gly Glu Ala		
115	120	125
Trp Ala Pro Arg Ser Leu Arg Pro Pro Ser Val Ala Val Ala Ala Gln		
130	135	140
Gln Arg Thr Ser Pro Thr Pro Gly Pro Lys Pro Ala Gly Thr Gly Pro		
145	150	155
Gly Asn Trp Arg Ser Arg Pro Arg Thr Gln Ser Ser Pro Pro Arg		
165	170	175

<210> 313

<211> 51

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 25296 right: 25448 frame: -1 size(aa): 51

<400> 313

Gly Trp Pro Arg Thr Gly Pro Gly Pro Ala Arg Leu Pro Pro Ala Gly		
1	5	10
15		
Arg Arg Gly Arg Ile Arg Ser Ala Gly Cys Arg His Gln Gly Trp Cys		
20	25	30
Thr Ala Ala Pro Glu Arg Pro Arg Arg Gln Asn Gly Arg Arg Pro Gly		
35	40	45
Arg Thr Thr		
50		

<210> 314

<211> 71

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 25452 right: 25664 frame: -1 size(aa): 71

<400> 314

Arg Arg Leu Arg Pro Ser Ser Gly Arg Arg Ala Leu Gly Ser Trp Pro		
1	5	10
15		
Gly Ala Pro Val Ala Arg Ser Gly Ser Ser Arg Leu Trp Ser Arg Gly		
20	25	30
Trp Arg Arg Pro Leu Leu Arg Cys His Arg His Arg Arg Gly Pro Gln		
35	40	45
Arg Pro Gly Cys Pro Cys Leu Ala His Arg Trp Gly Gln Ser Gly Ala		
50	55	60

Arg Ile Arg Ser Trp Ala Pro
65 70

<210> 315

<211> 99

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 25650 right: 25946 frame: 1 size(aa): 99

<400> 315

Arg Pro Gln Pro Ala Ser Arg Lys Pro Pro Pro Glu Arg Pro Pro Trp
1 5 10 15

Leu Lys Gln Pro Thr Trp Ala Thr Ser Gly Val Ser Pro Pro Pro Pro
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Ala Arg Ala Gly Pro Pro Thr Gly Ala Pro Arg Ser
35 40 45

Gln Ala Thr Trp Gly Ser Ser Pro Thr Ala Pro Ser Ser Gly Pro Pro
50 55 60

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

Ser Ser Ala Thr Asn Gly Ser Thr Pro Ala Thr Gly Ala Pro Arg Ser
85 90 95

Ala Cys Pro

<210> 316

<211> 385

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 25685 right: 26839 frame: 3 size(aa): 385

<400> 316

Glu Ala Thr Met Ala Gln Ala Ala His Leu Gly Asn Phe Gly Gly Phe
1 5 10 15

Thr Thr Pro Thr Pro Val Gly Ile Gly Ser Ser Gly Ser Pro Asn Trp
20 25 30

Gly Thr Thr Phe Ala Gly Asp Leu Gly Glu Leu Ala Asn Arg Pro Glu
35 40 45

Phe Gly Ala Ala Ile Arg Glu Glu Val Phe Asn Ser Phe Ala Trp Ile
50 55 60

217/359

[illegible]

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

218/359

385

<210> 317
 <211> 105
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 25702 right: 26016 frame: -2 size(aa): 105

<400> 317

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

<210> 318
 <211> 131
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 25849 right: 26241 frame: 2 size(aa): 131

<400> 318

Gly	Gly	Val	Gln	Gln	Leu	Arg	Leu	Asp	Gln	Leu	Arg	Arg	Asp	Pro	Ala
1				5					10					15	
Arg	Arg	Thr	Ala	Arg	Arg	Pro	Gln	Pro	Gly	Arg	Leu	Asp	Gln	Pro	Ala
			20					25					30		
Pro	Asp	Gln	Pro	Val	His	Pro	His	Val	Gly	Asp	Asp	Gln	Glu	Gln	Gln
		35					40					45			
His	Leu	Gly	Arg	Gln	Arg	Gln	Arg	Leu	Pro	Asp	Pro	Pro	Glu	Ala	Gln
	50					55				60					
Arg	Arg	Gly	Leu	Glu	Thr	Pro	His	Arg	Ala	Pro	Gly	Leu	Arg	Cys	Arg
65					70					75					80

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

219/359

Arg Arg Arg Ala Leu Arg Asp His His Arg His Arg Pro Asp Gly Gly
85 90 95

Pro Arg Val Leu His Arg Arg Arg Gly Pro Ala Pro Arg Asp Ala Thr
100 105 110

Gly Pro Gly His His Gly Gly Arg Pro Pro Gly Pro Pro Val His His
115 120 125

Pro Arg Gly
130

<210> 319
<211> 88
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 26025 right: 26288 frame: 1 size(aa): 88

<400> 319

Pro Pro Arg Ser Ser Thr Pro Gly Thr Gly Asn Ser Pro Ser Cys Thr
1 5 10 15

Gly Ala Ser Leu Pro Ala Pro Thr Ser Ser Pro Arg Ser Ser Pro Ala
20 25 30

Ser Thr Arg Trp Arg Pro Ser Ser Pro Thr Ser Ser Pro Gly Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Arg Arg Asn Gly Pro Trp Pro Pro Trp Arg Ala Pro Ser Gly
50 55 60

Ala Pro Cys Pro Pro Pro Thr Trp Leu Thr Ser Ala Gly Pro Ala Pro
65 70 75 80

Ala Arg Ala Thr Arg Thr Thr Ser
85

<210> 320
<211> 77
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 26149 right: 26379 frame: -2 size(aa): 77

<400> 320

Cys Ala Arg Ser Leu Cys Met Ala Ala Ile Trp Ser Met Glu Pro Arg
1 5 10 15

Ser Pro Ser Arg Ala Leu Pro Arg Ser Ile Thr Glu Glu Leu Arg Lys
20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

220/359

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

Trp Val Val Asp Arg Gly Pro Arg Arg Ala Pro Ser Met Val Ala Arg
 50 55 60

Ala Arg Cys Val Ser Arg Arg Trp Ala Pro Ala Thr Met
 65 70 75

<210> 321

<211> 53

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 26250 right: 26408 frame: -1 size(aa): 53

<400> 321

Arg Ser Ala Ser Arg Arg Thr Pro Gly Ser Ala Gln Asp Arg Cys Ala
 1 5 10 15

Trp Pro Arg Ser Gly Ala Trp Ser Pro Ala His Arg Ala Gly Pro Tyr
 20 25 30

Pro Gly Ala Ser Pro Lys Ser Ser Gly Ser Cys Pro Arg Arg Ser Gly
 35 40 45

Arg Cys Arg Ser Gly
 50

<210> 322

<211> 244

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 26332 right: 27063 frame: 2 size(aa): 244

<400> 322

Ala Gly Leu His Ala Pro Asp Arg Gly His Ala Gln Arg Ser Cys Ala
 1 5 10 15

Leu Pro Gly Val Arg Arg Asp Ala Asp Leu Gln Leu Arg Gln Pro Asp
 20 25 30

Arg Arg Gly Arg Asp Gln Val Gly Arg Arg Arg His Arg Gly His Pro
 35 40 45

Gly Pro Arg Cys Arg His Gly Trp Leu Pro Cys His Arg Gly Arg Pro
 50 55 60

Ala Arg Pro Asp Asp Arg Arg His Gln Trp Gly Gln Val Pro Arg Leu
 65 70 75 80

Pro Asp Gly Gln Arg Arg His Pro Ala Gly His Pro Ala Arg Leu Pro

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

221/359

85

90

95

Gly Ala Leu Arg Gly Glu His Pro Gln Leu Pro Gly Gly Ala Arg Arg
 100 105 110
 Arg Leu Ala Arg Leu Asp Gly Gly Pro Arg Asp Leu Leu Arg Val Gln
 115 120 125
 Arg Pro Gly Gln Pro Arg Gly Arg Arg Pro Asp Arg Ser Arg Gln Leu
 130 135 140
 Gly Ala Arg Leu His Arg Ala Pro Pro Gly Ala Asp Arg Gln Ala Gly
 145 150 155 160
 Leu Gln Phe Ala Val Arg Cys Gln Pro Leu Ser Pro Trp Gly Arg Met
 165 170 175
 Ala Arg Pro Arg Asp Ala Val Ala Pro Asn Gly Arg Pro Arg Leu Pro
 180 185 190
 Pro Arg Arg Arg Gly Leu Pro Met Leu Gly Arg Cys Cys Ala Pro Arg
 195 200 205
 Trp Ser Ser Ser Pro Leu Thr Trp Pro Thr Pro Thr Pro Thr Trp Leu
 210 215 220
 Trp Ala Pro Gly Ala Pro Ser Gly Trp Pro Ser Gly Thr Lys Pro Pro
 225 230 235 240

Gly Arg Trp Pro

<210> 323
 <211> 62
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 26383 right: 26568 frame: -2 size(aa): 62

<400> 323

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

<210> 324
 <211> 56
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

222/359

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 26577 right: 26744 frame: 1 size(aa): 56

<400> 324

Trp Pro Thr Ala Pro Ser Gly Arg Ala Ser Ser Ala Thr Ser Gly Cys
 1 5 10 15

Ala Thr Gly Arg Thr Ser Ser Ala Ser Arg Arg Cys Ser Pro Pro Thr
 20 25 30

Gly Thr Ala Arg Trp Gly Ser Ser Gly Ser Pro Thr Ser Pro Thr Pro
 35 40 45

Arg Thr Thr Pro Arg Thr Pro Thr
 50 55

<210> 325

<211> 52

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 26646 right: 26801 frame: -1 size(aa): 52

<400> 325

Arg Ser Ala Pro Gly Gly Ala Arg Cys Arg Arg Ala Pro Ser Cys Arg
 1 5 10 15

Asp Arg Ser Gly Arg Arg Pro Arg Gly Cys Pro Gly Arg Trp Thr Arg
 20 25 30

Arg Arg Ser Arg Gly Pro Pro Ser Ser Arg Ala Ser Arg Arg Arg Ala
 35 40 45

Pro Pro Gly Ser
 50

<210> 326

<211> 428

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 26776 right: 28059 frame: -2 size(aa): 428

<400> 326

Gly Arg Leu Leu Val Arg Cys Thr Ser Ser Pro Ala Thr Arg Arg Arg
 1 5 10 15

Ala Ser Ala Ser Asp Cys Gly Val Leu Ala Pro Ser Gly Ala Thr Ser
 20 25 30

223/359

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

224/359

355 360 365
 Ser Gly Gly Thr Ala Pro Pro Gln His Arg Lys Ala Pro Pro Pro Gly
 370 375 380
 Trp Glu Thr Gly Pro Thr Val Gly Gly His Gly Val Pro Trp Pro Cys
 385 390 395 400
 His Pro Thr Pro Gly Ala Gln Gly Leu Thr Ala Asn Gly Glu Leu Gln
 405 410 415
 Thr Ser Leu Thr Ile Gly Thr Arg Arg Gly Ser Val
 420 425

<210> 327
 <211> 115
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 26835 right: 27179 frame: -1 size(aa): 115

<400> 327

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

<210> 328
 <211> 183
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 26856 right: 27404 frame: 1 size(aa): 183

<400> 328

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

225/359

```

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

```

<210> 329

<211> 162

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 26975 right: 27460 frame: 3 size(aa): 162

<400> 329

```

Pro Gly Arg Arg Arg Arg Leu His Gly Ser Gly Arg Pro Gly Pro Pro
1      5      10      15
Leu Ala Gly Arg Arg Gly Arg Ser Arg Pro Ala Gly Gly Pro Asp Arg
      20      25      30
Gly Val Pro Leu Ala Pro Asp Ala Ala Asp Pro Gly Pro Pro Asp Gly
      35      40      45
Arg Leu Arg Gln Ala Ile Arg Arg Val Leu Gly Asp Gly Lys Arg Arg
      50      55      60

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

226/359

Gly Gly Pro Gly Pro Thr Pro Arg Phe Cys Ser Arg Gly Pro Arg Arg
 65 70 75 80
 Gln Pro Gly Arg Ala Arg Gly Gln Glu Ser Gly Pro Gly Arg Pro Pro
 85 90 95
 Ala Val Val Leu Leu Asp Gly Arg Val Glu Asp Pro Leu Arg Pro Lys
 100 105 110
 Arg Pro Pro Pro Ala Ala Gly Leu Pro Leu Asp Leu Leu Asp Pro Gly
 115 120 125
 Met Leu Ala Ala Glu Gln Val Gln Ser Pro Ala Pro Gly Pro Gln Leu
 130 135 140
 Ser Ser Leu Ala Val Trp Thr Leu Pro Pro Pro Ser Cys Leu Ser Arg
 145 150 155 160
 Pro Ser

<210> 330
 <211> 82
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 26996 right: 27241 frame: -3 size(aa): 82

<400> 330

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

<210> 331
 <211> 85
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 27154 right: 27408 frame: 2 size(aa): 85

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

227/359

<400> 331

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

<210> 332

<211> 111

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 27183 right: 27515 frame: -1 size(aa): 111

<400> 332

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

<210> 333

<211> 123

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 27408 right: 27776 frame: 1 size(aa): 123

<400> 333

```

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

```

<210> 334

<211> 129

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 27412 right: 27798 frame: 2 size(aa): 129

<400> 334

```

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

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

229/359

Gln Gly Leu Ile Ala Ser Gln Leu Val Cys Glu Tyr Gln Tyr Ala Asp
 115 120 125

Val

<210> 335
 <211> 97
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 27464 right: 27754 frame: 3 size(aa): 97

<400> 335

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

Ala

<210> 336
 <211> 50
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 27569 right: 27718 frame: -3 size(aa): 50

<400> 336

Arg Ala Arg Ser Arg Arg Arg Arg Arg Arg Cys Pro Arg Trp Leu Val
 1 5 10 15
 Arg Pro Gly Gly Pro Arg Ala His Gly Gly Ser Arg Ala Ala Pro Pro
 20 25 30
 Gly Pro Pro Arg Arg Arg Ser Ala Arg Ser Cys Asp Ser Pro Ala Pro
 35 40 45

Arg His

50

```
<210> 337
<211> 197
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 27722 right: 28312 frame: -3 size(aa): 197
```

<400> 337

[illegible]

```
<210> 338
<211> 145
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 27758 right: 28192 frame: 3 size(aa): 145
```


<400> 338

```

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

```

<210> 339

<211> 88

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 27802 right: 28065 frame: 2 size(aa): 88

<400> 339

```

Arg Ser Arg Gly Ala Gln Glu Ala Pro Val Arg Gly Pro Gly Arg Pro
1          5          10          15
Ala Ala Pro His Arg Arg Pro Gly Pro Gly Arg Pro Trp Glu Arg Arg
20          25          30
Ser Glu Pro Arg Arg His Arg Pro Val Pro Leu Leu Leu Val Arg Gln
35          40          45
Gln Glu Pro Ala Leu Glu Arg Gly Gly Pro Gly Gly Arg Gln His Pro
50          55          60
Ala Ile Arg Arg Arg Gly Pro Ala Pro Gly Gly Arg Arg Arg Gly Ala
65          70          75          80

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

232/359

Pro Asp Gln Gln Ser Ala Leu Arg
85

<210> 340
<211> 103
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 27861 right: 28169 frame: -1 size(aa): 103

<400> 340

Ala Cys Arg Arg Arg Pro Gly Ser Trp Ala Thr Gly Pro His Gly Arg
1 5 10 15
Thr Gly Thr Arg Trp Arg Ala Ser Thr Arg Leu Gly Leu Arg Gln Arg
20 25 30
Arg Leu Gln Arg Arg Ala Asp Cys Trp Ser Gly Ala Pro Arg Arg Arg
35 40 45
Pro Pro Gly Ala Gly Pro Arg Arg Arg Ile Ala Gly Cys Trp Arg Pro
50 55 60
Pro Gly Pro Pro Arg Ser Arg Ala Gly Ser Cys Trp Arg Thr Arg Arg
65 70 75 80
Ser Gly Thr Gly Arg Cys Arg Arg Gly Ser Leu Arg Arg Ser Gln Gly
85 90 95
Arg Pro Gly Pro Gly Arg Arg
100

<210> 341
<211> 93
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 28047 right: 28325 frame: 1 size(aa): 93

<400> 341

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

233/359

65 70 75 80

Ala Pro Glu Pro Ala Leu Arg Pro Val His Arg Gln Leu
 85 90

<210> 342

<211> 65

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28063 right: 28257 frame: -2 size(aa): 65

<400> 342

His Arg Val His Cys Gly Gly Asp Val Ala Leu Glu Asp Gly Ala Asp
 1 5 10 15

Gly Gly Glu Gly His His Arg Ser Tyr Cys Phe Leu Met Ser Leu Pro
 20 25 30

Ala Ala Ser Trp Ile Leu Gly Asn Arg Ala Ser Arg Lys Asp Arg Asn
 35 40 45

Gln Val Ala Gly Phe Asp Thr Thr Arg Pro Ser Thr Ala Thr Ala Ser
 50 55 60

Ala
 65

<210> 343

<211> 161

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28132 right: 28614 frame: 2 size(aa): 161

<400> 343

Gly Pro Val Ala Gln Asp Pro Gly Arg Arg Arg Gln Ala His Gln Glu
 1 5 10 15

Ala Val Arg Pro Val Met Ser Phe Ala Pro Ile Arg Ala Ile Leu Glu
 20 25 30

Gly Asp Val Ala Ala Ala Val Asp Pro Val Ser Val Val Phe Asp Asn
 35 40 45

Thr Phe Glu Thr Pro Pro Ser Leu Pro Tyr Val Arg Phe Thr Val Ser
 50 55 60

Phe Asp Ala Pro Thr Ser Asp Ala Ile Gly Gly Gly Met Ala Ser His
 65 70 75 80

Val Thr Gly Val Val Gln Ala Asn Val Tyr Val Ala Lys Met Thr Gly
 85 90 95

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

234/359

Ser Leu Gly Gly Glu Leu Leu Ala Ala Lys Ile Leu Asp Ala Trp Gln
 100 105 110

Asp Leu Ala Ala Ala Ala Val Val Pro Pro Gly Trp Arg Val Val Pro
 115 120 125

Arg Ser Leu Glu Gly Pro Gln Thr Leu Ala Pro Asp Lys Arg Glu Ala
 130 135 140

His Val Val Val Val Gly Ala Ala Phe Ser Ala Thr Leu Tyr Glu Thr
 145 150 155 160

Pro

<210> 344
 <211> 59
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 28196 right: 28372 frame: 3 size(aa): 59

<400> 344

Cys Pro Ser Pro Pro Ser Ala Pro Ser Ser Arg Ala Thr Ser Pro Pro
 1 5 10 15

Gln Trp Thr Arg Cys Gln Ser Ser Thr Thr Pro Ser Arg Arg Pro
 20 25 30

Arg Ala Cys Pro Thr Ser Gly Ser Pro Ser Ala Leu Thr Pro Arg Arg
 35 40 45

Arg Thr Pro Ser Ala Ala Ala Trp Pro Pro Thr
 50 55

<210> 345
 <211> 123
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 28261 right: 28629 frame: -2 size(aa): 123

<400> 345

Arg Arg Pro Arg Leu Gly Arg Leu Val Glu Arg Arg Arg Glu Gly Gly
 1 5 10 15

Pro Asp Asp His Asp Val Gly Leu Pro Leu Ile Arg Gly Gln Gly Leu
 20 25 30

Arg Pro Leu Gln Gly Thr Gly His Asp Ala Pro Pro Gly Gly His Asp
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

235/359

Gly Cys Ser Gly Gln Val Leu Pro Gly Val Gln Asp Leu Gly Arg Gln
50 55 60

Glu Leu Pro Ala Gln Ala Ala Cys His Leu Gly His Val Asp Val Gly
65 70 75 80

Leu His His Pro Gly His Val Gly Gly His Ala Ala Ala Asp Gly Val
85 90 95

Arg Arg Arg Gly Val Lys Ala Asp Gly Glu Pro Asp Val Gly Gln Ala
100 105 110

Arg Gly Arg Leu Glu Gly Val Val Glu Asp Asp
115 120

<210> 346

<211> 155

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28322 right: 28786 frame: -3 size(aa): 155

<400> 346

Ser Trp Ser Ala Gly Thr Val Ile Ser Val Pro Ala Gly Lys Ser Val
1 5 10 15

Leu Ser Ser Arg Gln Cys Arg Val Ala Ala Gly Met Asn Ala Ala Asp
20 25 30

Pro Ser Ile Pro Asp Arg Arg Val Phe Glu Gln Val Thr Gly Ile Trp
35 40 45

Gly Leu Gly Val Thr Ser Ser Gln Ile Arg Ala Ser Arg Arg Ala Ser
50 55 60

Pro Arg Arg Arg Pro Arg Arg Pro Arg Arg Gly Pro Pro Ala Tyr Pro
65 70 75 80

Gly Pro Gly Ser Ala Ala Pro Pro Gly Asn Gly Ala Arg Arg Ala Thr
85 90 95

Arg Gly Ala Arg Arg Leu Gln Arg Pro Gly Pro Ala Arg Arg Pro Gly
100 105 110

Ser Trp Pro Pro Gly Ala Pro Arg Pro Gly Cys Leu Ser Ser Trp Pro
115 120 125

Arg Arg Arg Trp Pro Ala Pro Pro Arg Ser Arg Gly Arg Pro Cys Arg
130 135 140

Arg Arg Trp Arg Pro Thr Ser Gly Arg Gln Ser
145 150 155

<210> 347

<211> 74

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

236/359

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28329 right: 28550 frame: 1 size(aa): 74

<400> 347

Arg Pro Asp Val Gly Arg His Arg Arg Arg His Gly Leu Pro Arg Asp
 1 5 10 15

Arg Gly Gly Ala Gly Gln Arg Leu Arg Gly Gln Asp Asp Arg Gln Pro
 20 25 30

Gly Arg Gly Ala Pro Gly Gly Gln Asp Pro Gly Arg Leu Ala Gly Pro
 35 40 45

Gly Arg Cys Ser Arg Arg Ala Pro Arg Val Ala Arg Arg Ala Pro Phe
 50 55 60

Pro Gly Gly Ala Ala Asp Pro Gly Pro Gly
 65 70

<210> 348

<211> 67

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28401 right: 28601 frame: -1 size(aa): 67

<400> 348

Ser Val Ala Glu Lys Ala Ala Pro Thr Thr Thr Thr Trp Ala Ser Arg
 1 5 10 15

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

Arg His Pro Gly Gly Thr Thr Ala Ala Ala Ala Arg Ser Cys Gln Ala
 35 40 45

Ser Arg Ile Leu Ala Ala Arg Ser Ser Pro Pro Arg Leu Pro Val Ile
 50 55 60

Leu Ala Thr
 65

<210> 349

<211> 74

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28415 right: 28636 frame: 3 size(aa): 74

<400> 349

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

237/359

Gln Ala Ala Trp Ala Gly Ser Ser Trp Arg Pro Arg Ser Trp Thr Pro
1 5 10 15

Gly Arg Thr Trp Pro Leu Gln Pro Ser Cys Pro Pro Gly Gly Ala Ser
20 25 30

Cys Pro Val Pro Trp Arg Gly Arg Arg Pro Trp Pro Arg Ile Ser Gly
35 40 45

Arg Pro Thr Ser Trp Ser Ser Gly Pro Pro Ser Arg Arg Arg Ser Thr
50 55 60

Arg Arg Pro Asn Leu Gly Arg Arg His Pro
65 70

<210> 350

<211> 298

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28554 right: 29447 frame: 1 size(aa): 298

<400> 350

Ala Gly Gly Pro Arg Arg Gly Arg Arg Gly Arg Leu Leu Gly Asp Ala
1 5 10 15

Leu Arg Asp Ala Leu Ile Trp Asp Asp Val Thr Pro Arg Pro Gln Met
20 25 30

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

Ala Phe Ile Pro Ala Ala Thr Arg His Cys Leu Leu Asp Asn Thr Asp
50 55 60

Phe Pro Ala Gly Thr Glu Ile Thr Val Pro Ala Asp His Asp Tyr Leu
65 70 75 80

Val Gly Asp Pro Val Thr Phe Glu Ala Gln Gly Thr Ala Val Leu Asp
85 90 95

Thr Ala Leu Thr Glu Gly Thr Thr Tyr Tyr Val Val Thr Glu Ala His
100 105 110

Gly Ala Ser Pro His Ile Glu Val Ser Ala Thr Ala Gly Gly Ala Pro
115 120 125

Ile Thr Leu Asn Gly Asp Gly Gly Thr Gly Thr Ala Asn Ser Gly Ala
130 135 140

Pro Ala Gln Asn His Ile Lys Ile Gln Phe Ala Ala His Met Ala Leu
145 150 155 160

Cys Gln Val Gln Gly Trp Asn Cys Asn Leu Ser Arg Glu Glu Val Met
165 170 175

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

238/359

Thr Thr Ser Leu Gln Cys Gly Pro Thr Thr Asp Asn Gly Ala Asn Ala
180 185 190

Pro Phe Met Thr Arg Gln Ala Gly Tyr Val Asp Gly Ser Gly Ser Met
195 200 205

Val Val Arg Phe Thr Arg Asp Gln Glu Ser Leu Ser Arg Arg Leu Leu
210 215 220

Arg Asn Ser Leu Arg Lys Asn Gln Asp Gly Ala Ser Val Gln Leu Phe
225 230 235 240

Val Asp Thr Val Tyr Gly Pro Ser Gly Thr Ile Asp Leu Ala Gly Ser
245 250 255

Glu Phe Ile Glu Gly Pro Val Ser Ile Leu Gly Phe Ala Leu Gly Val
260 265 270

Thr Thr Gly Ser Glu Pro Thr Gln Gly Thr Val Asn Phe Ser Phe Ser
275 280 285

Asp Gln Pro Thr Asn Ile Phe Gly Ala Leu
290 295

<210> 351

<211> 377

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 28617 right: 29747 frame: -1 size(aa): 377

<400> 351

Ser Ala Leu Thr Arg Ser Ala Thr Tyr Ser Ala Leu Thr Asp Arg Arg
1 5 10 15

Ser Trp Ala Arg Ser Pro Gly Ala Asn Arg Gly Trp Pro Leu Ala Ser
20 25 30

Phe Ala Leu Arg Ile Ser Arg Pro Arg Leu Thr Ser Ser Cys Ser Ser
35 40 45

Leu Leu Ala Phe Ser Ala Ala Trp Arg Arg Ser Ala Arg Val Thr Gly
50 55 60

Val Val Tyr Ile Ser Ser Val Ala Pro Asp Arg Lys Val Ile Arg Cys
65 70 75 80

Arg Leu Ser Val Trp Arg Leu Asp Ser Ala Leu Ser Arg Ser Ile Ala
85 90 95

Arg Met Ser Ser Glu Gly Ser Glu Asp Val Gly Gly Leu Val Ala Glu
100 105 110

Thr Glu Val Asp Gly Ala Leu Gly Gly Leu Arg Pro Gly Gly Tyr Ala
115 120 125

Gln Gly Glu Ala Gln Asp Arg His Arg Ala Leu Asp Glu Leu Gly Ala

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

239/359

130 135 140
 Gly Gln Val Asp Gly Ala Ala Gly Ala Val Asp Arg Val Asp Glu Gln
 145 150 155 160
 Leu His Arg Gly Ala Val Leu Val Leu Pro Glu Ala Val Ala Glu Glu
 165 170 175
 Ala Ala Arg Gln Arg Leu Leu Val Pro Gly Glu Ala Asp His His Arg
 180 185 190
 Ala Gly Ala Val Asp Val Ala Gly Leu Ala Gly His Glu Arg Gly Ile
 195 200 205
 Gly Ala Val Val Gly Arg Arg Pro Ala Leu Gln Ala Arg Gly His Asp
 210 215 220
 Leu Leu Pro Ala Glu Val Ala Val Pro Ala Leu Asp Leu Ala Glu Gly
 225 230 235 240
 His Val Gly Ser Glu Leu Asp Leu Asp Val Val Leu Gly Arg Gly Pro
 245 250 255
 Gly Val Gly Gly Thr Gly Ala Ala Val Thr Val Gln Gly Asp Arg Gly
 260 265 270
 Ala Pro Cys Gly Gly Gly His Leu Asp Val Gly Ala Gly Ala Val Gly
 275 280 285
 Leu Gly Asp His Val Val Gly Gly Ala Leu Gly Gln Gly Gly Ile Gln
 290 295 300
 Asp Gly Gly Ala Leu Gly Leu Glu Arg Asp Gly Ile Thr His Gln Val
 305 310 315 320
 Val Val Val Gly Arg Asp Arg Asp Leu Gly Thr Ser Arg Glu Ile Gly
 325 330 335
 Val Val Glu Gln Ala Val Pro Gly Ser Gly Gly Asp Glu Arg Gly Arg
 340 345 350
 Pro Val Asp Pro Arg Gln Glu Gly Phe Arg Ala Gly Asp Gly His Leu
 355 360 365
 Gly Pro Arg Gly Asp Val Val Pro Asp
 370 375

 <210> 352
 <211> 77
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 28618 right: 28848 frame: 2 size(aa): 77

 <400> 352

 Ser Gly Thr Thr Ser Pro Leu Gly Pro Arg Cys Pro Ser Pro Ala Arg
 1 5 10 15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

240/359

Lys Pro Ser Cys Arg Gly Ser Thr Gly Arg Pro Arg Ser Ser Pro Pro
 20 25 30

Leu Pro Gly Thr Ala Cys Ser Thr Thr Pro Ile Ser Arg Leu Val Pro
 35 40 45

Arg Ser Arg Ser Arg Pro Thr Thr Thr Thr Trp Trp Val Ile Pro Ser
 50 55 60

Arg Ser Arg Pro Arg Ala Pro Pro Ser Trp Ile Pro Pro
 65 70 75

<210> 353
 <211> 53
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 28640 right: 28798 frame: 3 size(aa): 53

<400> 353

Ala Pro Asp Ala Arg His Leu Leu Glu Asn Pro Pro Val Gly Asp Arg
 1 5 10 15

Arg Val Gly Arg Val His Pro Arg Arg Tyr Pro Ala Leu Pro Ala Arg
 20 25 30

Gln His Arg Phe Pro Gly Trp Tyr Arg Asp His Gly Pro Gly Arg Pro
 35 40 45

Arg Leu Pro Gly Gly
 50

<210> 354
 <211> 50
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 28802 right: 28951 frame: 3 size(aa): 50

<400> 354

Ser Arg His Val Arg Gly Pro Gly His Arg Arg Pro Gly Tyr Arg Pro
 1 5 10 15

Asp Arg Gly His His Leu Leu Arg Gly His Arg Gly Pro Arg Arg Gln
 20 25 30

Pro Pro His Arg Gly Val Arg His Arg Arg Gly Arg Pro Asp His Pro
 35 40 45

Glu Arg
 50

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

241/359

<210> 355
 <211> 94
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 28871 right: 29152 frame: -3 size(aa): 94

<400> 355

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

<210> 356
 <211> 186
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 28955 right: 29512 frame: 3 size(aa): 186

<400> 356

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

242/359

```

          100              105              110
Pro  Gln Arg His His Arg Pro Gly Arg Leu Arg Val His Arg Gly Pro
      115              120              125

Gly Val Asp Pro Gly Leu Arg Pro Gly Arg Asn His Arg Val Gly Ala
      130              135              140

His Pro Gly His Arg Gln Leu Gln Phe Gln Arg Pro Ala His Gln His
145              150              155              160

Leu Arg Ser Pro Leu Thr Thr Cys Glu Arg Ser Thr Cys Ser Arg Gln
      165              170              175

Asn Pro Thr Ser Arg Arg Ser Ser Gly Thr
      180              185

```

```

<210> 357
<211> 76
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 29140 right: 29367 frame: 2 size(aa): 76

```

```

<400> 357

Pro Ala Arg Pro Ala Thr Ser Thr Ala Pro Ala Arg Trp Trp Ser Ala
1              5              10              15

Ser Pro Gly Thr Arg Ser Arg Cys Leu Ala Ala Ser Ser Ala Thr Ala
      20              25              30

Ser Gly Arg Thr Arg Thr Ala Pro Arg Cys Ser Cys Ser Ser Thr Arg
      35              40              45

Ser Thr Ala Pro Ala Ala Pro Ser Thr Trp Pro Ala Pro Ser Ser Ser
      50              55              60

Arg Ala Arg Cys Arg Ser Trp Ala Ser Pro Trp Ala
65              70              75

```

```

<210> 358
<211> 62
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 29288 right: 29473 frame: -3 size(aa): 62

```

```

<400> 358

Ala Gly Arg Ser Leu Ala Cys Arg Gln Arg Ala Pro Lys Met Leu Val
1              5              10              15

Gly Trp Ser Leu Lys Leu Lys Leu Thr Val Pro Trp Val Gly Ser Asp
      20              25              30

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

243/359

Pro Val Val Thr Pro Arg Ala Lys Pro Arg Ile Asp Thr Gly Pro Ser
 35 40 45

Met Asn Ser Glu Pro Ala Arg Ser Met Val Pro Leu Gly Pro
 50 55 60

<210> 359

<211> 156

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 29371 right: 29838 frame: 2 size(aa): 156

<400> 359

Pro Pro Gly Arg Ser Pro Pro Arg Ala Pro Ser Thr Ser Val Ser Ala
 1 5 10 15

Thr Ser Pro Pro Thr Ser Ser Glu Pro Ser Asp Asp Met Arg Ala Ile
 20 25 30

Asp Leu Leu Lys Ala Glu Ser Asn Leu Gln Thr Leu Lys Arg His Leu
 35 40 45

Ile Thr Phe Arg Ser Gly Ala Thr Leu Glu Met Tyr Thr Thr Pro Val
 50 55 60

Thr Leu Ala Glu Arg Arg Gln Ala Ala Glu Asn Ala Lys Ser Asp Glu
 65 70 75 80

Gln Leu Glu Val Asn Leu Gly Leu Leu Ile Leu Lys Ala Lys Asp Ala
 85 90 95

Asn Gly Gln Pro Leu Phe Ala Pro Gly Asp Leu Ala Gln Leu Arg Arg
 100 105 110

Ser Val Ser Ala Glu Tyr Val Ala Asp Leu Val Asn Ala Leu Tyr Ser
 115 120 125

Thr Pro Ala Leu Asp Glu Gly Glu Ala Ser Asp Pro Lys Pro Ser Ser
 130 135 140

Pro Ser Ser Gly Lys Thr Asn Ser Ser Ser Ser Asn
 145 150 155

<210> 360

<211> 178

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 29416 right: 29949 frame: -2 size(aa): 178

<400> 360

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

244/359

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

Gly Arg

<210> 361
 <211> 171
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 29451 right: 29963 frame: 1 size(aa): 171

<400> 361

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

<210>	363
<211>	63
<212>	PRT
<213>	Cyanophage S-2L

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

246/359

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 29741 right: 29929 frame: -3 size(aa): 63

<400> 363

Arg Ala Arg Thr Cys Gln Arg Ala Ser Ser Ala Ser Val Met Ser Cys
 1 5 10 15

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

Asn Trp Ser Cys Leu Ser Cys Arg Asn Trp Ala Arg Arg Ala Leu Gly
 35 40 45

Arg Arg Pro Arg Pro Arg Pro Gly Gln Ala Ser Ser Arg Ala Arg
 50 55 60

<210> 364

<211> 82

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 29751 right: 29996 frame: -1 size(aa): 82

<400> 364

Ser Lys Ser Ile Arg Ser Arg Leu Pro Arg Ser Asp Arg Arg Pro Glu
 1 5 10 15

Ala Leu Leu Leu Gln Val Ala Gly Pro Asp Leu Pro Glu Gly Glu Leu
 20 25 30

Gly Leu Gly His Val Leu Leu His Leu Ala Pro Gly His Pro Glu Leu
 35 40 45

Gly Gly Gln Ala Gln Phe Glu Leu Glu Leu Phe Val Leu Pro Glu Leu
 50 55 60

Gly Glu Glu Gly Phe Gly Ser Glu Ala Ser Pro Ser Ser Arg Ala Gly
 65 70 75 80

Val Glu

<210> 365

<211> 61

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 29893 right: 30075 frame: 2 size(aa): 61

<400> 365

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

247/359

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

<210> 366

<211> 133

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 29953 right: 30351 frame: -2 size(aa): 133

<400> 366

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

<210> 367

<211> 293

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 30087 right: 30965 frame: -1 size(aa): 293

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

248/359

<400> 367

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

<210> 368

<211> 84

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

249/359

<212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 30101 right: 30352 frame: 3 size(aa): 84

<400> 368

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

<210> 369
 <211> 860
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 30105 right: 32684 frame: 1 size(aa): 860

<400> 369

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

250/359

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

251/359

435	440	445
Ala Phe Ala Val Gln Arg	Ala Lys Ala Leu Glu	Ala Arg Leu Arg Ala
450	455	460
Thr Gly Ala Phe Gly Asn Gln Leu Phe Gly Pro Thr Arg Asp Pro Arg		
465	470	475 480
Gly His Lys Asp His Val His Ile Pro Thr Pro Gly Gly Arg Ile Arg		
	485	490 495
Val Thr Pro Gly Leu Ala Gln Leu Met Gly Leu Asn Gly Lys Gly Ser		
	500	505 510
Gly Gly Met Ala Met Gln Gly Ala Glu Trp Ala Asn Glu Ala Ala Glu		
	515	520 525
Lys Glu Ala Glu Arg Gln Gln Lys Arg Glu Asp Gly Leu Arg Thr Ser		
	530	535 540
Gly Arg Ala Leu Ala Leu Ala Gln Ala Glu Leu Lys Ile Ala Gln Ala		
	545	550 555 560
Ser Thr Asp Glu Gln Arg Ile Gln Ala Thr Ala Asp Lys Asp Arg Met		
	565	570 575
Asp Arg Met Tyr Glu Phe Ala Asp Leu Tyr Arg Asp Ala Val Thr Glu		
	580	585 590
Glu Glu Arg Ala Asn Ile Ala Lys Ala Gln Gly Val Glu Ile Gln Arg		
	595	600 605
Gln Gln Val Glu Leu Ala Lys Ser Leu Gly Asp Ala Leu Val Glu Val		
	610	615 620
Ala Arg Lys Gln Glu Ala Ala Met Arg Pro Arg Leu Asp Asn Ile Glu		
	625	630 635 640
Arg Leu Glu Ala Thr Leu Arg Gly Pro Asp Ala Val Arg Ala Leu Glu		
	645	650 655
Arg Arg Asn Ala Val Gly Glu Met Ser Ala Ala Gly Val Gly Pro Ala		
	660	665 670
Arg Ala Gly Glu Leu Tyr Asp Arg Glu Gln Ala Leu Asp Arg Gln Val		
	675	680 685
Glu Arg Gln Arg Glu Leu Asn Ala Leu Trp Glu Glu Gly Gly Arg Thr		
	690	695 700
Leu Gly Gly Leu Phe Ser Asp Leu Val Lys Gly Thr Asp Asp Trp Gln		
	705	710 715 720
Ala Ser Leu Thr Arg Ala Leu Glu Ser Leu Ala Ser Val Leu Leu Gln		
	725	730 735
Ala Gly Leu Arg Gly Ile Ala Glu Asn Asn Gln Gly Gly Phe Leu Gly		
	740	745 750
Gly Leu Leu Ser Gln Val Met Gly Ser Phe Asp Gly Gly Gly Tyr Thr		
	755	760 765

Gly Ser Gly Ser Arg Thr Gly Gly Leu Asp Gly Lys Gly Gly Phe Ala
770 775 780

Ala Ile Leu His Pro Asn Glu Thr Val Val Asp His Thr Arg Gly Gln
785 790 795 800

Ala Ala Gly Gly Gly Met Val Asn Val Gly Gly Ile Thr Val Asn Val
805 810 815

Ala Ser Asp Gly Thr Thr Glu Val Asp Ala Ala Gly Gly Gly Glu Leu
820 825 830

Ala Arg Gly Val Gln Ala Ala Val Thr Ala Glu Ile Leu Arg Gln Met
835 840 845

Arg Pro Gly Gly Val Leu Ala Ala Gly Gln Arg Gly
850 855 860

<210> 370

<211> 247

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 30118 right: 30858 frame: 2 size(aa): 247

<400> 370

Ala Pro Pro Thr Arg Ser Ile Ser Ser Leu Ala Pro Ala Arg Arg Thr
1 5 10 15

Arg Ser Leu Pro Gly Trp Ser Ser Gly Ser Gly Ala Trp Asn Gly Pro
20 25 30

Ala Gly Pro Pro Gly Ala Ala Met Cys Ser Gly Gln Trp Ala Thr Ala
35 40 45

Pro Arg Pro Pro Pro Ala Arg Ser Thr Cys Ser Trp Gly Ala Ser Gly
50 55 60

His Ser Pro Pro Trp Val Trp Ser Pro Pro Pro Gly Pro Trp Leu Thr
65 70 75 80

Arg Ser Cys Arg Trp Gly Cys Arg Pro Arg Thr Pro Arg Cys Gly Ser
85 90 95

Gly Gly Ser Leu Pro Ala Trp Thr Thr Thr Pro Gly Ser Arg Arg Trp
100 105 110

Pro Arg Arg Pro Gln Pro Ser Ser Ala Ser Arg Ser Arg Arg Pro Arg
115 120 125

Pro Ala Ser Arg Arg Pro Thr Pro Asp Ser Ala Pro Trp Ala Ser Pro
130 135 140

Cys Pro Arg Cys Gly Thr Ser Thr Arg Ala Ser Thr Arg Arg Pro Gly
145 150 155 160

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

253/359

Thr Ala Ala Arg Arg Pro Arg Arg Ala Arg Ala Pro Ser Gly Ser Trp
 165 170 175

Pro Arg Pro Trp Ala Pro Gly Arg Ser Gly Ala Thr Ser Ser Thr Arg
 180 185 190

Ser Trp Ser Arg Arg Arg Pro Ser Ala Ser Arg Trp Pro Gly Ser Trp
 195 200 205

Ala Ser Thr Pro Gly Ser Cys Ala Arg Trp Arg Pro Arg Ala Ser Ser
 210 215 220

Pro Gly Thr Ser Ser Ser Arg Pro Cys Arg Thr Ser Ala Pro Arg Gly
 225 230 235 240

Pro Thr Ser Trp Thr Pro Leu
 245

<210> 371

<211> 101

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 30128 right: 30430 frame: -3 size(aa): 101

<400> 371

Ser Ser Arg Pro Ala Val Ser Pro Arg Thr Arg Thr Ser Val Phe Ser
 1 5 10 15

Ala Cys Ile Pro Ile Cys Arg Ile Glu Leu Ala Met Ala Pro Ala Val
 20 25 30

Ala Thr Thr Pro Arg Ala Ala Asn Ala Arg Arg Pro Pro Thr Ser Met
 35 40 45

Ser Ile Leu Pro Val Ala Ala Trp Ala Leu Leu Pro Ile Gly Pro Asn
 50 55 60

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

Arg Cys Ser Ile Arg Ala Ser Cys Val Ser Ala Trp Arg Val Pro Lys
 85 90 95

Thr Arg Ser Thr Trp
 100

<210> 372

<211> 352

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 30356 right: 31411 frame: 3 size(aa): 352

<400> 372

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

255/359

Ser Glu Pro Asp Ala Gly Leu Ala Pro Glu Pro Gly Val Arg Ala Asp
 325 330 335

Glu Arg Gly Leu His Gln Gln Gly Ala Pro Asp Ala Gln Pro His Ala
 340 345 350

<210> 373

<211> 190

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 30572 right: 31141 frame: -3 size(aa): 190

<400> 373

Pro Ser Met Leu Pro Ile Pro Trp Ile Ala Trp Arg Pro Pro Gly Met
 1 5 10 15

Arg Pro Ala Thr Leu Pro Met Pro Met Pro Arg Leu Thr Gly Ser Pro
 20 25 30

Pro Ala Ile Pro Met Ala Cys Cys Arg Ala Lys Pro Arg Pro Ser Ala
 35 40 45

Phe Leu Val Ala Trp Ser Ser Ser Arg Phe Arg Ala Trp Ser Val Arg
 50 55 60

Arg Ile Gly Gly Met Thr Pro Asp Pro Thr Thr Val Pro Met Ser Met
 65 70 75 80

Asn Arg Phe Phe Ser Phe Ser Thr Leu Ala Leu Val Val Phe Arg Glu
 85 90 95

Ala Ser Ser Leu Ser Ala Pro Ser Val Arg Met Phe Cys Arg Ala Leu
 100 105 110

Arg Thr Met Ser Pro Val Ser Leu Pro Ser Ala Ala Ile Ser Arg Ser
 115 120 125

Cys Pro Ala Leu Met Pro Met Thr Arg Ala Thr Ser Met Pro Met Ala
 130 135 140

Gly Val Cys Ser Met Ile Glu Leu Asn Ser Ser Pro Arg Ser Ala Pro
 145 150 155 160

Glu Pro Arg Ala Trp Ala Ser Cys Arg Lys Ala Pro Ser Leu Ser Trp
 165 170 175

Ala Val Glu Pro Pro Phe Arg Ala Ala Val Leu Lys Pro Ser
 180 185 190

<210> 374

<211> 498

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

256/359

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 30969 right: 32462 frame: -1 size(aa): 498

<400> 374

```

Asp Arg Gly Glu Ser Ala Leu Ala Val Glu Ala Pro Gly Ala Gly Ser
1          5          10          15

Gly Ala Gly Val Ala Ala Pro Val Glu Arg Thr His His Leu Ala Glu
20          25          30

Gln Thr Ala Gln Glu Pro Ala Leu Val Val Leu Gly Asp Ala Pro Glu
35          40          45

Ala Arg Leu Gln Gln His Arg Arg Gln Arg Phe Glu Arg Pro Gly Glu
50          55          60

Ala Gly Leu Pro Val Val Gly Ala Leu Asp Gln Val Gly Glu Gln Pro
65          70          75          80

Ala Gln Gly Ala Ala Pro Leu Leu Pro Lys Gly Ile Glu Leu Ala Leu
85          90          95

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

Gly Pro Gly Arg Ala His Pro Gly Gly Arg His Leu Ala His Gly Val
115         120         125

Pro Ala Leu Gln Gly Pro His Arg Val Gly Pro Pro Glu Gly Gly Leu
130         135         140

Glu Pro Leu Asp Val Val Glu Pro Gly Ala His Gly Arg Leu Leu Leu
145         150         155         160

Pro Gly His Leu Tyr Gln Gly Val Pro Gln Gly Leu Gly Glu Leu His
165         170         175

Leu Leu Ala Leu Asp Leu Asp Ser Leu Gly Leu Gly Asp Val Gly Pro
180         185         190

Leu Leu Leu Gly Asp Gly Ile Pro Val Gln Val Gly Glu Leu Val His
195         200         205

Ser Val His Pro Val Phe Val Cys Gly Gly Leu Asp Pro Leu Leu Val
210         215         220

Gly Ala Gly Leu Gly Asp Leu Glu Leu Gly Leu Gly Gln Gly Gln Gly
225         230         235         240

Pro Ala Ala Arg Ala Gln Thr Val Leu Pro Leu Leu Leu Ala Leu Gly
245         250         255

Leu Phe Leu Cys Gly Leu Val Cys Pro Leu Gly Pro Leu His Arg His
260         265         270

Pro Ala Ala Ala Leu Ala Val Glu Pro His Gln Leu Gly Gln Pro Arg
275         280         285

Gly Asp Pro Asp Pro Ala Ala Gly Gly Gly Asp Val His Val Val Leu

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

257/359

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

Gln Val

<210> 375

<211> 173

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 30970 right: 31488 frame: 2 size(aa): 173

<400> 375

Thr Cys Cys Ser Thr Arg Pro Pro Arg Met Pro Thr Ala Trp Ala Ser
 1 5 10 15

Pro Cys Ser Arg Pro Trp Val Ser Pro Gly Gly Ser Arg Ser Thr Trp
 20 25 30

Ala Ser Ala Ser Ala Thr Ser Pro Val Ala Ser Pro Gly Ala Ala Arg
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

258/359

Arg Ser Arg Val Ser Ala Ala Cys Ser Ala Thr Ser Pro Arg Asn Arg
 50 55 60
 Pro Ser Ala Arg Ser Cys Gln Lys Ala Ser Ser Ser Ala Ala Val Pro
 65 70 75 80
 Arg Ser Arg Pro Ala Ser Gly Gly Arg Arg Arg Pro Arg Thr Leu Leu
 85 90 95
 Arg Arg Ala Ala Ala Val Ala Val Ala Arg Ala Ala Pro Thr Ser Pro
 100 105 110
 Pro Thr Ser Gln Arg Thr Arg Cys Gly Thr Gly Ser Gly Ala Arg Gly
 115 120 125
 Thr Ser Gly Arg Ala Gly Thr Ser Pro Thr Arg Gly Thr Gly Arg Pro
 130 135 140
 Thr Thr Cys Leu Thr Pro Ser Thr Ser Ala Ser Ser Met Ala Arg Met
 145 150 155 160
 Pro Ser Pro Ser Ser Gly Leu Arg Arg Ser Arg Pro Ala
 165 170

<210> 376
 <211> 54
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 31145 right: 31306 frame: -3 size(aa): 54

<400> 376

Ala Gly Lys Ser Gly Pro Leu Glu Pro Pro Pro Arg Leu Arg Leu Phe
 1 5 10 15
 Val Ala Ala Ser Leu Ala Ser Phe Ser Leu Arg Met Arg Ala Cys Ser
 20 25 30
 Trp Ala Arg Leu Arg Cys Ser Arg Pro Ser Gly Met Asn Gly Pro Lys
 35 40 45
 Val Cys Phe Ser Gly Trp
 50

<210> 377
 <211> 275
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 31310 right: 32134 frame: -3 size(aa): 275

<400> 377

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

259/359

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

Ala Val Met
275

<210> 378

<211> 362

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 31472 right: 32557 frame: 3 size(aa): 362.

<400> 378

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

261/359

Phe Val Arg Arg Gly Arg Leu His Arg Leu Arg Ile Pro His Arg Gly
305 310 315 320

Pro Arg Arg Gln Gly Arg Ile Arg Arg Asp Pro Thr Pro Glu Arg Asp
325 330 335

Cys Arg Arg Ser His Pro Gly Ala Gly Gly Arg Arg Arg His Gly Gln
340 345 350

Arg Arg Arg Asp His Gly Gln Arg Arg Gln
355 360

<210> 379

<211> 117

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 31618 right: 31968 frame: 2 size(aa): 117

<400> 379

Trp Gly Ser Thr Ala Arg Ala Ala Ala Gly Trp Arg Cys Arg Gly Pro
1 5 10 15

Ser Gly Gln Thr Arg Pro Gln Arg Lys Arg Pro Ser Ala Ser Arg Ser
20 25 30

Gly Arg Thr Val Cys Ala Arg Ala Ala Gly Pro Trp Pro Trp Pro Arg
35 40 45

Pro Ser Ser Arg Ser Pro Arg Pro Ala Pro Thr Ser Ser Gly Ser Arg
50 55 60

Pro Pro Gln Thr Lys Thr Gly Trp Thr Glu Cys Thr Ser Ser Pro Thr
65 70 75 80

Cys Thr Gly Met Pro Ser Pro Arg Arg Ser Gly Pro Thr Ser Pro Arg
85 90 95

Pro Arg Glu Ser Arg Ser Ser Ala Ser Arg Trp Ser Ser Pro Ser Pro
100 105 110

Trp Gly Thr Pro Trp
115

<210> 380

<211> 103

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 31876 right: 32184 frame: -2 size(aa): 103

<400> 380

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

262/359

Ala Arg Val Ala Ala Pro Pro Asp Gly Arg Gly Pro Ala Pro Gly Arg
 1 5 10 15

Arg Ala Arg Arg Pro Trp Pro Gly Pro Pro Arg Arg Pro Thr Ser Arg
 20 25 30

Pro Arg Arg Ser Gly Ala Pro Gly Pro Ala Pro Arg Arg Ala Pro Gly
 35 40 45

Gly Trp Pro Arg Ala Ala Arg Cys Cys Arg Ala Gly Gly Ala Trp Pro
 50 55 60

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

Arg Ala Pro Pro Ala Gly Ala Gly Ser Arg Leu Pro Gly Pro Trp Arg
 85 90 95

Cys Trp Pro Ala Pro Pro Arg
 100

<210> 381

<211> 135

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 31972 right: 32376 frame: 2 size(aa): 135

<400> 381

Arg Trp Pro Gly Ser Arg Arg Arg Pro Cys Ala Pro Gly Ser Thr Thr
 1 5 10 15

Ser Ser Gly Ser Arg Pro Pro Ser Gly Gly Pro Thr Arg Cys Gly Pro
 20 25 30

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

Arg Pro Gly Pro Ala Ser Ser Thr Thr Gly Ser Arg Pro Ser Thr Val
 50 55 60

Arg Trp Ser Gly Asn Ala Ser Ser Met Pro Phe Gly Arg Arg Gly Ala
 65 70 75 80

Ala Pro Trp Ala Gly Cys Ser Pro Thr Trp Ser Arg Ala Pro Thr Thr
 85 90 95

Gly Arg Pro Ala Ser Pro Gly Arg Ser Asn Arg Trp Arg Arg Cys Cys
 100 105 110

Cys Arg Arg Ala Ser Gly Ala Ser Pro Arg Thr Thr Arg Ala Gly Ser
 115 120 125

Trp Ala Val Cys Ser Ala Arg
 130 135

<210> 382

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

263/359

<211> 79
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 32165 right: 32401 frame: -3 size(aa): 79

<400> 382

Pro Pro Pro Ser Asn Glu Pro Ile Thr Trp Leu Ser Arg Pro Pro Arg
 1 5 10 15

Asn Pro Pro Trp Leu Phe Ser Ala Met Pro Arg Arg Pro Ala Cys Ser
 20 25 30

Ser Thr Asp Ala Ser Asp Ser Ser Ala Arg Val Arg Leu Ala Cys Gln
 35 40 45

Ser Ser Val Pro Leu Thr Arg Ser Glu Asn Ser Pro Pro Arg Val Arg
 50 55 60

Pro Pro Ser Ser Gln Arg Ala Leu Ser Ser Arg Cys Arg Ser Thr
 65 70 75

<210> 383
 <211> 51
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 32371 right: 32523 frame: -2 size(aa): 51

<400> 383

Pro Cys Arg Arg Arg Pro Pro Ala Pro Gly Cys Asp Arg Arg Gln Ser
 1 5 10 15

Arg Ser Gly Val Gly Ser Arg Arg Ile Arg Pro Cys Arg Arg Gly Pro
 20 25 30

Arg Cys Gly Ile Arg Ser Arg Cys Ser Arg Pro Arg Arg Thr Asn Pro
 35 40 45

Ser Pro Gly
 50

<210> 384
 <211> 65
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 32380 right: 32574 frame: 2 size(aa): 65

<400> 384

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

264/359

Trp Val Arg Ser Thr Gly Ala Ala Thr Pro Ala Pro Asp Pro Ala Pro
1 5 10 15

Gly Ala Ser Thr Ala Arg Ala Asp Ser Pro Arg Ser Tyr Thr Arg Thr
20 25 30

Arg Leu Ser Ser Ile Thr Pro Gly Gly Arg Arg Pro Ala Ala Ala Trp
35 40 45

Ser Thr Ser Ala Gly Ser Arg Ser Thr Ser Pro Val Thr Gly Pro Pro
50 55 60

Arg
65

<210> 385

<211> 148

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32466 right: 32909 frame: -1 size(aa): 148

<400> 385

Thr Pro Ser Ser Ala Ser Trp Ser Arg Ser Ser Pro Ser Ser Leu Ala
1 5 10 15

Ser Phe Ser Gly Ser Pro Arg Pro Arg Pro Thr Gly Pro Ala Ala Gly
20 25 30

Thr Ala Pro Gly Ser Ala Arg Pro Arg Ser Pro Thr Ala Trp Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Gly Ser Val Arg Cys Trp Pro Gly Asp Thr Gly Glu Pro
50 55 60

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

Ser Gln Asp Ala Ser Arg Ala His Leu Ala Gln Asp Leu Gly Arg His
85 90 95

Arg Arg Leu Asp Pro Thr Gly Glu Leu Pro Ala Pro Gly Gly Val Tyr
100 105 110

Leu Gly Gly Pro Val Thr Gly Asp Val Asp Arg Asp Pro Ala Asp Val
115 120 125

Asp His Ala Ala Ala Gly Arg Leu Pro Pro Gly Val Ile Asp Asp Ser
130 135 140

Leu Val Arg Val
145

<210> 386

<211> 167

<212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

265/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32492 right: 32992 frame: -3 size(aa): 167

<400> 386

Pro Leu Leu Tyr Ala Ile Leu Gly Lys Ser Ala Val Glu His Gly Cys
1 5 10 15

Ser Arg Arg Ser Ser His Ser Ile Ser Ser Asp Glu His His Pro Leu
20 25 30

His Pro Gly His Asp Arg Arg Arg Leu Arg Trp Arg His Ser Leu Gly
35 40 45

His Arg Asp Pro Asp Arg Pro Gly Pro Pro Leu Ala Pro Leu Arg Gly
50 55 60

Gln Pro Gly Gln Asp Arg Arg Pro Pro Gly Arg His Pro Val Pro Gly
65 70 75 80

Pro Ser Asp Ala Gly Pro Val Thr Pro Gly Ser Pro Gly Glu Gly Pro
85 90 95

Leu Leu Pro Arg Gly His Gln Pro Arg Trp Pro Ala Ala Arg Thr Pro
100 105 110

Pro Gly Arg Ile Trp Arg Arg Ile Ser Ala Val Thr Ala Ala Trp Thr
115 120 125

Pro Arg Ala Ser Ser Pro Pro Pro Ala Ala Ser Thr Ser Val Val Pro
130 135 140

Ser Leu Ala Thr Leu Thr Val Ile Pro Pro Thr Leu Thr Met Pro Pro
145 150 155 160

Pro Ala Ala Cys Pro Arg Val
165

<210> 387

<211> 61

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32548 right: 32730 frame: -2 size(aa): 61

<400> 387

His Arg Gly Ala Pro Gly Arg Gly Leu Ser Phe Pro Gly Gly Ile Ser
1 5 10 15

Pro Ala Gly Arg Gln Pro Gly Arg Leu Pro Gly Ala Ser Gly Ala Gly
20 25 30

Ser Arg Pro Ser Pro Pro Pro Gly Pro His Gly Arg Ala Pro Arg Pro

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

266/359

35

40

45

Arg Arg Arg Leu Pro Arg Trp Ser Arg His Trp Arg Arg
 50 55 60

<210> 388

<211> 62

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32561 right: 32746 frame: 3 size(aa): 62

<400> 388

Arg Asp His Arg Gly Arg Arg Arg Arg Gly Arg Gly Ala Arg Pro Trp
 1 5 10 15

Gly Pro Gly Gly Gly Asp Gly Arg Asp Pro Ala Pro Asp Ala Pro Gly
 20 25 30

Arg Arg Pro Gly Cys Arg Pro Ala Gly Leu Met Pro Pro Gly Lys Glu
 35 40 45

Arg Pro Leu Pro Gly Ala Pro Arg Cys His Arg Ala Ser Ile
 50 55 60

<210> 389

<211> 117

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32626 right: 32976 frame: 2 size(aa): 117

<400> 389

Arg Pro Arg Ser Cys Ala Arg Cys Ala Arg Glu Ala Ser Trp Leu Pro
 1 5 10 15

Ala Ser Gly Ala Asp Ala Pro Gly Glu Gly Glu Ala Pro Pro Arg Gly
 20 25 30

Ser Pro Val Ser Pro Gly Gln His Leu Thr Asp Pro Val Pro Gly Asp
 35 40 45

Ala Gln Ala Val Gly Asp Leu Gly Leu Ala Asp Pro Gly Ala Val Pro
 50 55 60

Ala Ala Gly Pro Val Gly Arg Gly Leu Gly Asp Pro Glu Asn Asp Ala
 65 70 75 80

Asn Glu Asp Gly Asp Asp Arg Asp Gln Asp Ala Glu Asp Gly Val His
 85 90 95

Arg Arg Lys Cys Cys Gly Lys Ser Gly Gly Ser Ile His Ala Arg Pro
 100 105 110

Pro Ile Tyr Pro Val
115

<210> 390
<211> 93
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 32734 right: 33012 frame: -2 size(aa): 93

<400> 390

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

<210> 391
<211> 90
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 32750 right: 33019 frame: 3 size(aa): 90

<400> 391

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

268/359

Arg Leu Pro Trp Gly His Ala Gly Gln Leu
 85 90

<210> 392

<211> 159

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32889 right: 33365 frame: 1 size(aa): 159

<400> 392

Pro Gly Cys Arg Gly Trp Cys Ser Ser Glu Glu Met Leu Trp Glu Glu
 1 5 10 15

Arg Arg Glu His Pro Cys Ser Thr Ala Asp Leu Pro Ser Ile Ala Tyr
 20 25 30

Arg Ser Gly Tyr Arg Gly Gly Met Pro Val Ser Cys Asn Ser Gln Ile
 35 40 45

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

Gln Arg Ile Leu Ala Val Gln Phe Gly Asp Gly Tyr Arg Glu Arg Arg
 65 70 75 80

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

Pro Met Gly Ile Ala Asp Val Leu Glu Leu Glu Asp Ala Leu Arg Ala
 100 105 110

Leu Gly Thr Gly Ala Phe Ala Trp Ala Pro Pro Gly Glu Asp Asp Met
 115 120 125

Val Leu Trp Glu Leu Asp Pro Val Glu Trp Thr Arg Thr Tyr Gln Ala
 130 135 140

Asp His Leu Ala Ser Leu Ser Phe Ala Leu Arg Ser Ala Asn Pro
 145 150 155

<210> 393

<211> 156

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32970 right: 33437 frame: -1 size(aa): 156

<400> 393

Thr Gly Arg Ser Arg His Pro Gly Pro Gly Val Pro Pro Ala Ala Arg
 1 5 10 15

Cys Leu Gly Trp Gly Pro Gly Ser Trp Val Gly Arg Ala Gln Gly Lys

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

269/359

```

                20                25                30
Arg  Gln  Ala  Arg  Gln  Val  Val  Gly  Leu  Val  Gly  Ala  Gly  Pro  Leu  Asp
      35                40                45

Arg  Val  Glu  Leu  Pro  Glu  His  His  Val  Val  Leu  Ala  Gly  Gly  Arg  Pro
      50                55                60

Cys  Glu  Arg  Pro  Gly  Ala  Gln  Gly  Pro  Glu  Arg  Ile  Leu  Glu  Leu  Gln
65                70                75                80

Asp  Val  Arg  Asp  Ala  His  Gly  Arg  Gly  Gly  Asp  Arg  Pro  Ala  Pro  His
      85                90                95

Leu  Gly  Val  Asp  Ala  Ile  Gly  Ala  Ser  Leu  Pro  Val  Pro  Val  Pro  Glu
      100                105                110

Leu  His  Arg  Lys  Asp  Ala  Leu  Gly  Arg  Leu  Pro  Arg  Ser  Gly  Asp  Leu
      115                120                125

His  Pro  Glu  Gly  Ala  Gln  Val  Asp  Leu  Thr  Val  Thr  Ala  Asp  Arg  His
      130                135                140

Ala  Pro  Thr  Val  Ala  Ala  Ser  Val  Cys  Tyr  Thr  Gly
145                150                155

```

<210> 394

<211> 227

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 32980 right: 33660 frame: 2 size(aa): 227

<400> 394

```

His  Thr  Glu  Ala  Ala  Thr  Val  Gly  Ala  Cys  Arg  Ser  Ala  Val  Thr  Val
1                5                10                15

Arg  Ser  Thr  Trp  Ala  Pro  Ser  Gly  Cys  Arg  Ser  Pro  Leu  Arg  Gly  Arg
      20                25                30

Arg  Pro  Ser  Ala  Ser  Leu  Arg  Cys  Ser  Ser  Gly  Thr  Gly  Thr  Gly  Ser
      35                40                45

Asp  Ala  Pro  Met  Ala  Ser  Thr  Pro  Arg  Cys  Gly  Ala  Gly  Arg  Ser  Pro
      50                55                60

Pro  Arg  Pro  Trp  Ala  Ser  Arg  Thr  Ser  Trp  Ser  Ser  Arg  Met  Arg  Ser
65                70                75                80

Gly  Pro  Trp  Ala  Pro  Gly  Arg  Ser  His  Gly  Arg  Pro  Pro  Ala  Arg  Thr
      85                90                95

Thr  Trp  Cys  Ser  Gly  Ser  Ser  Thr  Arg  Ser  Ser  Gly  Pro  Ala  Pro  Thr
      100                105                110

Arg  Pro  Thr  Thr  Trp  Arg  Ala  Cys  Arg  Leu  Pro  Cys  Ala  Arg  Pro  Thr
      115                120                125

```


His Glu Pro Gly Pro His Pro Arg His Arg Ala Ala Gly Gly Thr Pro
 130 135 140
 Gly Pro Gly Cys Arg Asp Arg Pro Val His Pro Arg Pro Val Asp Leu
 145 150 155 160
 Arg Ser Gly Gln Gly Ala Leu Pro Val Leu Gln Leu Glu Pro Glu Arg
 165 170 175
 Arg Gly Arg Pro Val Leu Arg Arg Arg Gly Val Arg Ala Asp Ala Gly
 180 185 190
 Arg Val Tyr Arg Leu Pro Asp Gln Gln Gln Gln Arg Thr Glu Arg Ala
 195 200 205
 Pro Asp Ala Gly Leu Gln Arg Arg Pro Asp Leu Asp Arg Pro Gly Gln
 210 215 220
 Arg Leu Gly
 225

<210> 395

<211> 509

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 33023 right: 34549 frame: 3 size(aa): 509

<400> 395

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

271/359

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

272/359

465 470 475 480

Ala Gly Cys Arg Leu Arg Phe Phe Asp Pro Leu Thr Gly Ala Thr Leu

 485 490 495

Pro Leu Pro Thr Ser Ala Phe Pro Gly Leu Gln Ile Gly

 500 505

<210> 396

<211> 94

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 33029 right: 33310 frame: -3 size(aa): 94

<400> 396

Val Arg Val His Ser Thr Gly Ser Ser Ser Gln Ser Thr Met Ser Ser

1 5 10 15

Ser Pro Gly Gly Ala His Ala Asn Ala Pro Val Pro Arg Ala Arg Ser

 20 25 30

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

 35 40 45

Thr Asp Gln Arg Arg Thr Ser Val Leu Met Pro Ser Gly Arg Arg Ser

50 55 60

Arg Tyr Pro Ser Pro Asn Cys Thr Ala Arg Met Arg Trp Asp Val Cys

65 70 75 80

Pro Val Ala Val Thr Cys Thr Arg Arg Val Pro Arg Ser Ile

 85 90

<210> 397

<211> 112

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 33142 right: 33477 frame: -2 size(aa): 112

<400> 397

Gly Ala Leu Pro Gly Ser Lys Ile Asp Arg Ser Arg Met Asn Arg Ser

1 5 10 15

Ile Thr Ala Ser Arg Ser Trp Ser Pro Ala Ser Cys Ser Met Ser Gly

 20 25 30

Met Gly Thr Gly Leu Met Gly Trp Pro Ser Ala Gly Gln Thr Thr Gly

35 40 45

Ser Pro Gly Gly Arg Pro Gly Arg Cys Gly Ser Thr Arg Pro Gly Arg

50 55 60

Ala Pro Arg Ala Pro Cys Arg Pro Arg Arg Gly Ala Pro Met Arg Thr
65 70 75 80

Pro Arg Cys Pro Gly Pro Gly Ala His Pro Arg Ala Pro Gly Arg Pro
85 90 95

Arg Cys Pro Trp Ala Gly Trp Arg Pro Thr Ser Ala Ala Pro Arg Cys
100 105 110

<210> 398

<211> 414

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 33314 right: 34555 frame: -3 size(aa): 414

<400> 398

Gly Ser Pro Asp Leu Glu Pro Trp Lys Gly Arg Cys Trp Gln Arg Gln
1 5 10 15

Cys Ser Ala Arg Gln Arg Ile Glu Glu Pro Glu Ala Ala Ala Gly Asp
20 25 30

Arg Leu Thr Ala Leu Val Pro Gly Val Pro Asp Gly Val Gly Arg Arg
35 40 45

Leu Glu Arg Gln Gly Arg Gly Pro Pro Arg Leu Glu His Gly Pro Gly
50 55 60

Ser Arg Gln Gly Arg Pro Gly Arg Val Glu Val Arg Gln Gly Gly Arg
65 70 75 80

Pro Val Ala Arg Ile Glu Leu Pro Leu Leu Asp Leu Val Val Gly Arg
85 90 95

Ala Val Glu Val Leu Gly Pro Asp Gly Ala Pro Pro Pro Gly Leu Val
100 105 110

Gln Gly Gly Asp Gln Asp Ala Pro Gly Val Asp Gln Val Asp Ala Glu
115 120 125

Gln Arg Leu Glu Arg Ala Gly Arg Val Arg Glu Asp Glu Ala Val Gly
130 135 140

Glu Val Ala Val Val Pro Arg Arg Gln Ala Gly Pro Ala Val Leu Asp
145 150 155 160

Ala Val Val Val Gly Val Leu Leu Asn Gly His Cys Ser Leu Gly Arg
165 170 175

Leu Asp Asp Gly Gly Leu Gly Pro Glu Gln Gly His Arg Val Val Glu
180 185 190

Arg Leu Glu Arg Arg Val His Gly Trp Gly Gln Gly Leu Ile Pro Gly
195 200 205

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

274/359

Val Gly His Gly Val Pro Gly Val Ala Ala Ser Leu Ala Pro Val Gly
 210 215 220

Pro Ala Ala Gly Val Ala Gln Gly Gln Ala Leu Gly Gln Pro Asp Val
 225 230 235 240

Val Gln Gly Glu Arg Cys Arg Gln Gly Glu Arg Asp Gly Gln Leu Ala
 245 250 255

Leu Gly Asp Leu Ala Leu Asp Glu Pro Arg Leu Val Arg Pro Val Ala
 260 265 270

Cys Arg Ala Gly Arg Gly Pro Val Val Glu Val Pro Ala Gln Asp Pro
 275 280 285

Pro Pro Asp Gln Leu Arg Pro His Gln Val Ile Pro Gly Val Asp Gln
 290 295 300

Ala Gly Pro Gly Gln Ala Asp Val Gly Asp Pro His Leu Gly Leu Ala
 305 310 315 320

Arg Cys Ala Val Ala Val Asp Leu Glu Ala Gly Thr Leu Asp Arg His
 325 330 335

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

Ala Pro Val Ala Glu Pro Val Gly Arg Pro Ala Arg Ile Glu Asp Arg
 355 360 365

Gln Val Glu Asp Glu Gln Val Asp His Gly Ile Gln Val Leu Glu Ser
 370 375 380

Arg Gln Leu Leu Asp Val Trp Asp Gly Asp Arg Ala His Gly Leu Ala
 385 390 395 400

Glu Arg Arg Ala Asn Asp Arg Leu Ala Arg Trp Ser Ala Trp
 405 410

<210> 399

<211> 67

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 33429 right: 33629 frame: 1 size(aa): 67

<400> 399

Ser Thr Cys Ser Ser Ser Thr Cys Arg Ser Ser Ile Arg Ala Gly Arg
 1 5 10 15

Pro Thr Gly Ser Ala Thr Gly Ala Arg Ala Ala Gly Ser Ala Cys Ser
 20 25 30

Thr Thr Ala Arg Ser Thr Ser Arg Cys Arg Ser Ser Val Pro Ala Ser
 35 40 45

Arg Ser Thr Ala Thr Ala His Arg Ala Ser Pro Arg Cys Gly Ser Pro

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

275/359

50

55

60

Thr Ser Ala
65

<210> 400
<211> 120
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 33526 right: 33885 frame: -2 size(aa): 120

<400> 400

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

<210> 401
<211> 263
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 33664 right: 34452 frame: 2 size(aa): 263

<400> 401

Pro	Gly	Gly	Gly	Glu	Ala	Asp	Pro	Ala	Ala	Gly	Pro	Ala	Pro	Val	Pro
1				5					10					15	
Arg	Arg	Arg	Gly	His	Ala	Gln	Pro	Asp	Arg	Pro	Leu	Ala	Gly	Arg	Ala
			20					25					30		
Val	Val	His	Arg	Ala	Gln	Gly	Arg	Arg	Glu	Gln	Ala	Asp	Arg	His	Val
		35					40					45			

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

276/359

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

<210> 402

<211> 100

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 33798 right: 34097 frame: 1 size(aa): 100

<400> 402

Pro Ser Arg Ser Pro Cys Arg Gln Arg Ser Pro Trp Thr Thr Ser Gly
 1 5 10 15
 Cys Pro Ser Ala Trp Pro Cys Ala Thr Pro Ala Ala Gly Pro Thr Gly
 20 25 30

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

277/359

Ala Arg Asp Ala Ala Thr Pro Gly Thr Pro Trp Pro Thr Pro Gly Ile
 35 40 45

Ser Pro Cys Pro His Pro Trp Thr Arg Arg Ser Lys Arg Ser Thr Thr
 50 55 60

Arg Trp Pro Cys Ser Gly Pro Arg Pro Pro Ser Ser Arg Arg Pro Arg
 65 70 75 80

Leu Gln Trp Pro Phe Lys Arg Thr Pro Thr Thr Thr Ala Ser Arg Thr
 85 90 95

Ala Gly Pro Ala
 100

<210> 403

<211> 112

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 33804 right: 34139 frame: -1 size(aa): 112

<400> 403

Arg Arg Ser Cys Arg Gly Ser Cys Gly Cys Thr Pro Ser Ser Gly Gly
 1 5 10 15

Thr Ser Cys Pro Arg Cys Cys Cys Cys Arg Arg Ser Leu Glu Trp Pro
 20 25 30

Leu Gln Pro Arg Pro Pro Gly Arg Arg Gly Ser Gly Pro Gly Thr Gly
 35 40 45

Pro Pro Arg Arg Arg Thr Leu Gly Ala Pro Gly Pro Trp Val Gly Ala
 50 55 60

Gly Ala Asp Ser Gly Arg Arg Pro Arg Gly Thr Arg Cys Ser Arg Ile
 65 70 75 80

Pro Arg Pro Gly Arg Ser Ser Cys Arg Cys Gly Ala Gly Pro Gly Ala
 85 90 95

Trp Ala Ala Gly Arg Arg Pro Gly Arg Thr Leu Ser Thr Gly Arg Thr
 100 105 110

<210> 404

<211> 91

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 34221 right: 34493 frame: 1 size(aa): 91

<400> 404

Thr Arg Pro Gly Gly Gly Ala Pro Ser Gly Pro Lys Thr Ser Thr Ala

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

278/359

1 5 10 15
 Arg Pro Thr Thr Arg Ser Ser Ser Gly Ser Ser Ile Arg Ala Thr Gly
 20 25 30
 Arg Pro Pro Trp Arg Thr Ser Thr Leu Pro Gly Arg Pro Trp Arg Leu
 35 40 45
 Pro Gly Pro Cys Ser Ser Arg Gly Gly Pro Arg Pro Cys Arg Ser Arg
 50 55 60
 Arg Arg Pro Thr Pro Ser Gly Thr Pro Gly Thr Ser Ala Val Arg Arg
 65 70 75 80
 Ser Pro Ala Ala Ala Ser Gly Ser Ser Ile Arg
 85 90

<210> 405
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 34279 right: 34563 frame: -2 size(aa): 95

<400> 405

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

<210> 406
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 34456 right: 35268 frame: 2 size(aa): 271

<400> 406

Asp Asp Arg Arg Leu Pro Pro Pro Val Leu Arg Ser Ala Asp Gly Arg
 1 5 10 15

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

279/359

```

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

```

<210> 407

<211> 338

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 34497 right: 35510 frame: 1 size(aa): 338

<400> 407

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

280/359

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

281/359

325

330

335

Arg Thr

<210> 408

<211> 67

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 34506 right: 34706 frame: -1 size(aa): 67

<400> 408

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

Arg	His	Arg	Thr	Thr	Arg	Pro	Ser	Pro	Arg	Thr	Lys	Pro	Gln	Ala	Ser
			20					25					30		

Trp	Thr	Arg	Pro	Pro	Arg	Leu	Asn	Ile	Arg	Met	Ser	Phe	Phe	Cys	Ser
		35					40					45			

Ala	Val	Arg	Ile	Thr	Arg	Ser	Gly	Ala	Leu	Glu	Arg	Pro	Met	Leu	Ala
	50					55					60				

Thr	Ala	Met
65		

<210> 409

<211> 106

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 34553 right: 34870 frame: 3 size(aa): 106

<400> 409

Ser	Leu	Pro	His	Tyr	Arg	Arg	Thr	Thr	Ser	Gly	Cys	Ser	Ala	Glu	Val
1				5					10					15	

Ala	Ser	Ser	Arg	Arg	Pro	Val	Ala	Ser	Ser	Trp	Ala	Thr	Ala	Gly	Trp
			20					25					30		

Ser	Gly	Ala	Ser	Thr	Pro	Thr	Pro	Ser	Arg	Arg	Thr	Leu	Ser	Arg	Ser
		35					40					45			

Thr	Arg	Arg	Pro	Thr	Pro	Gly	Gln	Thr	Gly	Ser	Met	Gly	Ser	Pro	Pro
	50					55					60				

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

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

282/359

Ala Pro Thr Ser Phe Thr Ser Trp Thr Pro
 100 105

<210> 410
 <211> 101
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 34567 right: 34869 frame: -2 size(aa): 101

<400> 410

Gly Val His Asp Val Lys Leu Val Gly Ala Gln Ala Val Asp Asp Pro
 1 5 10 15

 Gly Glu Leu Ala Val Gly Pro Asp Gly Gly Leu Val Leu Arg Ala Glu
 20 25 30

 Pro Ile Glu Pro Gly Val Ala Val Pro Asp Gly Gly Asp Pro Met Leu
 35 40 45

 Pro Val Cys Pro Gly Val Gly Leu Arg Val Asp Leu Glu Ser Val Leu
 50 55 60

 Arg Leu Gly Val Gly Val Glu Ala Pro Asp His Pro Ala Val Ala Gln
 65 70 75 80

 Asp Glu Ala Thr Gly Leu Leu Asp Glu Ala Thr Ser Ala Glu His Pro
 85 90 95

 Asp Val Val Leu Leu
 100

<210> 411
 <211> 80
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 34778 right: 35017 frame: -3 size(aa): 80

<400> 411

Ser Arg Gly Ala Pro Thr Arg Pro Ser Cys Pro Gly Ala Thr Leu Gly
 1 5 10 15

 Arg Pro Pro His Gly Ala Pro Pro Gly Arg Pro Ala Pro Gly Cys Ser
 20 25 30

 Ser Arg Gly Cys Arg Ser Arg Thr Ser Ala Arg Pro Gly Ala Arg Gly
 35 40 45

 Leu Gly Gly Pro Arg Arg Glu Thr Arg Arg Cys Ala Gly Ser Arg Arg
 50 55 60

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

283/359

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

<210> 412

<211> 144

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 34873 right: 35304 frame: -2 size(aa): 144

<400> 412

Ser Thr Trp Ala Gln Arg Leu Ala Thr Val Ala Leu Ser Tyr Gly Cys
 1 5 10 15

Pro Pro Gly Leu Ala Ser Arg Arg Pro Pro Asp Arg Thr Gly Pro Gly
 20 25 30

Leu Pro Pro Leu Ala Val Val Leu Asp Pro Ala Pro Pro Ala Gly Gln
 35 40 45

Val Val Glu His Ala Val Ala Val Leu Glu Asp Pro Asp Val Arg Gly
 50 55 60

Val Val Leu Ala His Glu Asp Asp Val Pro Gly Gln Gln Pro Leu Pro
 65 70 75 80

Ala Tyr Pro Pro Thr Glu Leu Ala Gly Leu His Val Glu His Gly Glu
 85 90 95

Val Gly Ala Pro Pro Leu Ala Pro Val Ala Pro Val Pro Leu Trp Glu
 100 105 110

Gly His Pro Met Ala Leu Leu Gln Gly Val Pro His Gln Ala Val Ala
 115 120 125

Val Glu Asp Ala Val Ala Glu Arg Ala Pro Asp Gln Gly Pro Val Val
 130 135 140

<210> 413

<211> 62

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 34874 right: 35059 frame: 3 size(aa): 62

<400> 413

Thr Thr Gly Pro Trp Ser Gly Ala Arg Ser Ala Thr Ala Ser Ser Thr
 1 5 10 15

Ala Thr Ala Trp Cys Gly Thr Pro Trp Arg Ser Ala Met Gly Trp Pro
 20 25 30

Ser Gln Ser Gly Thr Gly Ala Thr Gly Ala Ser Gly Gly Ala Pro Thr

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

284/359

35

40

45

Ser Pro Cys Ser Thr Cys Arg Pro Ala Ser Ser Val Gly Gly
 50 55 60

<210> 414

<211> 88

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 34926 right: 35189 frame: -1 size(aa): 88

<400> 414

Tyr Ser Thr Arg Leu Arg Leu Pro Ala Arg Trp Trp Ser Met Arg Ser
 1 5 10 15

Leu Ser Ser Arg Ile Pro Met Cys Glu Val Trp Ser Leu Pro Met Lys
 20 25 30

Thr Met Ser Pro Gly Ser Ser Arg Ser Arg Pro Thr Arg Arg Gln Asn
 35 40 45

Ser Leu Ala Cys Met Ser Asn Thr Val Lys Ser Gly Arg Pro His Ser
 50 55 60

Pro Gln Leu Pro Arg Cys His Ser Gly Lys Ala Thr Pro Trp Arg Ser
 65 70 75 80

Ser Arg Ala Ser Arg Thr Arg Leu
 85

<210> 415

<211> 67

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 35063 right: 35263 frame: 3 size(aa): 67

<400> 415

Ala Gly Ser Gly Cys Cys Pro Gly Thr Ser Ser Ser Trp Ala Arg Thr
 1 5 10 15

Thr Pro Arg Thr Ser Gly Ser Ser Arg Thr Ala Thr Ala Cys Ser Thr
 20 25 30

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

Arg Pro Gly Pro Val Arg Ser Gly Gly Arg Arg Asp Ala Ser Pro Gly
 50 55 60

Gly Gln Pro
 65

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

285/359

<210> 416
 <211> 79
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 35099 right: 35335 frame: -3 size(aa): 79

<400> 416

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

<210> 417
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 35193 right: 35528 frame: -1 size(aa): 112

<400> 417

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

286/359

<210> 418
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 35267 right: 35518 frame: 3 size(aa): 84

<400> 418

Asp Arg Ala Thr Val Ala Arg Arg Cys Ala His Val Asp His Gln Arg
 1 5 10 15

Arg Ala Pro His Pro Val His Leu Pro Pro Arg Gln Gly Gly Ala Asp
 20 25 30

Gly Ser Leu Pro Ala Asp Pro Ala Gln Gly Pro Gly Ala Arg Arg Ala
 35 40 45

His Ala Pro Pro Gly Ala Arg Gly Ala Gly Ala Val Asp Cys Pro Asp
 50 55 60

Gln Gly Arg Gly Gly Leu Leu Leu Gly Gln Cys Arg Arg Arg Pro Pro
 65 70 75 80

His Leu Ser Arg

<210> 419
 <211> 61
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 35272 right: 35454 frame: 2 size(aa): 61

<400> 419

Gly His Ser Arg Glu Ala Leu Arg Pro Cys Arg Ser Pro Thr Thr Ser
 1 5 10 15

Ser Thr Pro Gly Ser Pro Thr Thr Pro Ser Arg Arg Gly Arg Arg Lys
 20 25 30

Ser Thr Ser Arg Ser Gly Thr Arg Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ser Cys
 35 40 45

Ser Thr Trp Cys Pro Arg Gly Gly Ser Ser Arg Leu Pro
 50 55 60

<210> 420
 <211> 54
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

287/359

<223> New ORF = left: 35372 right: 35533 frame: -3 size(aa): 54

<400> 420

Arg Ser Ala Gly Ser Ser Ala Gln Val Arg Arg Ala Thr Pro Ala Leu
 1 5 10 15

Ala Gln Lys Gln Ala Ser Ser Thr Leu Val Arg Ala Val Asp Cys Ser
 20 25 30

Arg Pro Ser Gly Thr Arg Trp Ser Met Ser Ser Ala Ser Ser Arg Ala
 35 40 45

Leu Cys Arg Ile Cys Trp
 50

<210> 421

<211> 253

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 35413 right: 36171 frame: -2 size(aa): 253

<400> 421

Ala Ser Tyr Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala Gln Glu Thr Pro Gly Ala
 1 5 10 15

Ala His Val Asp Arg Ala Ala Asp Arg Gln Val Ala Gln Gly Glu Ala
 20 25 30

Asp His Glu Arg Val Leu Asp Pro Pro Glu Ala Val Asp His Arg Asp
 35 40 45

Arg Ala Pro Leu Ala Pro Arg Ala Gly Gly Val Ala Val Glu Ala Arg
 50 55 60

Leu Gln Leu Leu Gly Val Gly Ile Asp Arg Arg Pro Gly Arg Pro Gly
 65 70 75 80

Glu Glu Ala Ser Asp Ala Pro Gln His Gln Gly Thr Ala Gly Gln Gln
 85 90 95

Gln Ala Arg Gly Arg Gln Ala Gln Glu Ala Asp Ala Pro Gly Glu Arg
 100 105 110

Ala Gln Gly Asp Lys Arg Asp Ala Gly Gln Asp Pro Pro Glu Ala Ala
 115 120 125

Thr Ala Gly Gln Asp Arg Gly Lys His Gln Arg Leu Pro Gly Asp Ala
 130 135 140

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

Pro Pro Ala Asp Ala Pro Pro Gly Leu Leu Asp His Pro Gly Pro Glu
 165 170 175

Gly Arg Val Gln Gly Ala Glu Gly Pro Asp Arg Leu Gly Arg Arg Leu
180 185 190

Asn Asp Lys Pro Val Asp Ala Ala Glu Leu Ser Ala Glu Gly Ala Gln
195 200 205

Glu Leu Asp Arg Asp Val Ala Leu Val His Leu Leu Arg Cys Gly Gly
210 215 220

Arg Arg Arg His Trp Pro Arg Ser Arg Pro Pro Arg Pro Trp Ser Gly
225 230 235 240

Gln Ser Thr Ala Pro Ala Pro Arg Ala Pro Gly Gly Ala
245 250

<210> 422

<211> 236

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 35458 right: 36165 frame: 2 size(aa): 236

<400> 422

Pro Arg Ser Arg Arg Pro Ala Ser Gly Pro Met Pro Ala Ser Pro Ala
1 5 10 15

Ala Pro Glu Gln Met Asn Gln Arg Tyr Val Thr Ile Lys Leu Leu Gly
20 25 30

Ala Phe Gly Arg Glu Phe Gly Arg Ile His Arg Leu Val Val Glu Thr
35 40 45

Pro Ala Glu Ala Val Arg Ala Leu Cys Thr Leu Tyr Pro Ala Phe Arg
50 55 60

Pro Arg Val Ile Glu Gln Ala Gly Arg Gly Ile Gly Trp Arg Ile Val
65 70 75 80

Thr Asp Asp Pro Arg Gly Leu Asp Glu Asp Arg Ala Gln Ala Gly Ile
85 90 95

Pro Gly Gln Thr Leu Val Phe Ala Pro Ile Leu Thr Gly Arg Gly Gly
100 105 110

Phe Gly Arg Ile Leu Ala Gly Val Ala Phe Ile Ala Leu Gly Ala Phe
115 120 125

Thr Gly Gly Ile Gly Phe Leu Gly Leu Ser Ser Ser Ser Leu Leu Leu
130 135 140

Thr Gly Gly Ala Leu Val Leu Gly Gly Val Ala Gly Leu Leu Thr Arg
145 150 155 160

Thr Pro Arg Ala Pro Val Asp Ala Asp Thr Lys Gln Leu Glu Ser Ser
165 170 175

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

289/359

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

Val Ile Tyr Gly Leu Arg Arg Val Glu Asn Pro Leu Val Ile Ser Phe
 195 200 205

Ser Leu Gly Asn Leu Pro Ile Ser Arg Pro Ile Asn Val Ser Gly Ser
 210 215 220

Arg Gly Leu Leu Gly Leu Val Ala Gly Gln Phe Val
 225 230 235

<210> 423

<211> 152

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 35532 right: 35987 frame: -1 size(aa): 152

<400> 423

Arg Leu Asp Ser Ser Cys Leu Val Ser Ala Ser Thr Gly Ala Arg Gly
 1 5 10 15

Val Leu Val Arg Arg Pro Ala Thr Pro Pro Ser Thr Arg Ala Pro Pro
 20 25 30

Val Ser Ser Arg Leu Glu Asp Asp Arg Pro Arg Lys Pro Met Pro Pro
 35 40 45

Val Asn Ala Pro Arg Ala Ile Asn Ala Thr Pro Ala Arg Ile Arg Pro
 50 55 60

Lys Pro Pro Arg Pro Val Arg Ile Gly Ala Asn Thr Ser Val Cys Pro
 65 70 75 80

Gly Met Pro Ala Trp Ala Arg Ser Ser Ser Arg Pro Arg Gly Ser Ser
 85 90 95

Val Thr Ile Arg Gln Pro Met Pro Arg Pro Ala Cys Ser Ile Thr Arg
 100 105 110

Gly Arg Lys Ala Gly Tyr Arg Val Gln Arg Ala Arg Thr Ala Ser Ala
 115 120 125

Gly Val Ser Thr Thr Ser Arg Trp Met Arg Pro Asn Ser Arg Pro Lys
 130 135 140

Ala Pro Arg Ser Leu Ile Val Thr
 145 150

<210> 424

<211> 93

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

290/359

<223> New ORF = left: 35543 right: 35821 frame: -3 size(aa): 93

<400> 424

Thr Arg Arg Arg Pro Gly Ser Ala Arg Ser Arg His Gly Arg Ser Gly
1 5 10 15

Ser Gly Gln Thr Pro Ala Ser Ala Arg Gly Cys Pro Pro Gly Pro Gly
20 25 30

Pro Arg Pro Gly Pro Gly Asp Arg Pro Ser Arg Ser Ala Ser Arg Cys
35 40 45

Pro Ala Arg Pro Ala Arg Ser Pro Gly Ala Gly Arg Pro Gly Thr Gly
50 55 60

Cys Arg Gly Pro Gly Pro Pro Arg Pro Ala Ser Gln Arg Gln Ala Gly
65 70 75 80

Gly Cys Gly Arg Thr Leu Gly Arg Arg Arg Pro Gly Ala
85 90

<210> 425

<211> 1456

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 35598 right: 39965 frame: 1 size(aa): 1456

<400> 425

Asp Ala Gly Arg Gly Gly Pro Gly Pro Leu His Pro Val Pro Gly Leu
1 5 10 15

Pro Ala Pro Gly Asp Arg Ala Gly Arg Ala Gly His Arg Leu Ala Asp
20 25 30

Arg Asp Gly Arg Ser Pro Gly Pro Gly Arg Gly Pro Gly Pro Gly Gly
35 40 45

His Pro Arg Ala Asp Ala Gly Val Cys Pro Asp Pro Asp Arg Pro Trp
50 55 60

Arg Leu Arg Ala Asp Pro Gly Arg Arg Arg Val Tyr Arg Pro Gly Arg
65 70 75 80

Val His Arg Gly His Arg Leu Pro Gly Pro Val Val Leu Glu Pro Ala
85 90 95

Ala Asp Arg Arg Cys Pro Gly Ala Gly Gly Arg Arg Trp Pro Pro His
100 105 110

Gln Asp Ala Pro Gly Ala Gly Arg Cys Arg His Gln Ala Ala Gly Val
115 120 125

Glu Pro Leu Gln Gln Arg Arg Arg His Gly Gly Pro Gly Glu Pro Gly
130 135 140

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

292/359

Tyr 465	Asp	Pro	Trp	Ala	Gly 470	Thr	Tyr	Ser	Gly	Val 475	Trp	Asp	Gly	Ser	Phe 480
Lys	Glu	Asp	Trp	Thr 485	Asp	Asn	Pro	Ala	Trp 490	Cys	Phe	Tyr	Asp	Met 495	Val
Thr	Asn	Pro	Arg 500	Tyr	Gly	Leu	Gly	Glu 505	Ser	Ile	Asp	Pro	Val 510	Leu	Ile
Asp	Lys	Trp 515	Ser	Leu	Tyr	Ser	Ile 520	Gly	Gln	Tyr	Cys	Asp 525	Gly	Leu	Val
Pro 530	Ala	Val	Gly	Gly	Gly	Leu 535	Glu	Arg	Arg	Phe	Arg 540	Cys	Asn	Leu	Ile
Leu 545	Ala	Ala	Gln	Asn	Asp 550	Ala	Trp	Val	Val	Leu 555	Gln	Gln	Leu	Ala	Ser 560
Ile	Phe	Arg	Gly	Gln 565	Ile	Phe	Trp	Ser	Ala 570	Gly	Leu	Val	Val	Ser 575	Thr
Gln	Asp	Ala 580	Pro	Gly	Asp	Phe	Leu	Tyr 585	Thr	Phe	Asn	Pro	Ser 590	Asn	Val
Glu	Gln	Thr 595	Val	Asp	Asp	Ser	Gly 600	Ala	Val	Val	Gln 605	Pro	Cys	Phe	Glu
Tyr 610	Glu	Gly	Thr	Ala	Lys	Arg 615	Thr	Arg	His	Thr	Val 620	Cys	Leu	Val	Ser
Trp 625	Asp	Asp	Pro	Ala	Asn 630	Ala	Tyr	Gln	Pro	Arg 635	Val	Glu	Tyr	Ile	Ala 640
Asp	Ser	Asp	Ala	Leu 645	Ala	Arg	Leu	Gly	Tyr 650	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu 655	Arg
Leu	Asn	Gly	Ile 660	Thr	Thr	Arg	Gly	Gln 665	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala 670	Gln	Trp
Ala	Leu	Leu 675	Ser	Glu	Ala	Ile	Leu 680	Asp	Asp	Thr	Val 685	Thr	Phe	Lys	Val
Gly 690	Ala	Ile	Gly	Met	Ala	Leu 695	Arg	Pro	Gly	Asp	Leu 700	Val	Lys	Val	Met
Asp 705	Pro	Asp	Lys	Gly	Gly 710	Val	Arg	Phe	Gly	Gly 715	Arg	Val	Val	Ala	Gln 720
Asp	Gly	Asp	Thr 725	Ile	Thr	Leu	Asp	Ala	Ala 730	Pro	Pro	Thr	Pro	Leu 735	Ala
Gly	Trp	Ala	Gly 740	Gly	Leu	Phe	Tyr	Trp 745	Gln	Ser	Gly	Ala	Gly 750	Leu	Pro
Arg	Val	Asn 755	Val	Ala	Gly	Val	Ser 760	Gly	Ala	Val	Val 765	Thr	Val	Ser	Gly
Trp 770	Gly	Asp	Asp	Ser	Arg	Pro 775	Thr	Pro	Gly	Met	Pro 780	Trp	Leu	Leu	Glu
Val	Pro	Asn	Leu	Glu	Ala	Gln	Pro	Phe	Arg	Ile	Leu	Gly	Ile	Glu	Glu

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

293/359

785					790						795					800
Leu	Gly	Gln	Asn	Arg	Tyr	Ala	Val	Thr	Ala	Leu	Arg	Tyr	Arg	Ser	Asp	
				805					810					815		
Ile	Tyr	Asp	Arg	Val	Asp	Phe	Asp	Thr	Pro	Leu	Ser	Asp	Asp	Glu	Asp	
			820					825					830			
Tyr	Leu	Phe	Lys	Leu	Leu	Asp	Pro	Leu	Pro	Pro	Thr	Ile	Leu	Asn	Ala	
		835					840					845				
Gln	Ile	Val	Trp	Asp	Asn	Ser	Gln	Ala	Lys	Leu	Glu	Val	Asn	Trp	Arg	
	850					855					860					
Pro	Gln	Asp	Arg	Val	Phe	Val	Asp	Gly	Gly	Phe	Asp	Leu	Ser	Thr	Ser	
865					870					875					880	
Tyr	His	Arg	Leu	Gln	Tyr	Gln	Arg	Gly	Glu	Val	Gly	Ala	Gly	Gly	Glu	
				885					890					895		
Val	Thr	Trp	Thr	Asn	Gln	Trp	Ala	Glu	Val	Asp	Arg	Gln	Thr	Asp	Thr	
			900					905					910			
Thr	Glu	Thr	Ile	Pro	Leu	Val	Gly	Tyr	Gln	Ala	Gln	Thr	Arg	Tyr	Lys	
		915					920					925				
Val	Arg	Met	Ala	Ser	Val	Gly	Lys	Ala	Gly	Ala	Glu	Ser	Leu	Trp	Ser	
	930					935					940					
Ala	Glu	Leu	Glu	Ala	Thr	Pro	Leu	Glu	Val	Trp	Phe	Pro	Ile	Pro	Asp	
945					950					955					960	
Phe	Glu	Ser	Ile	Val	Pro	His	Pro	Gly	Gly	Glu	Thr	Gly	Pro	Ala	Gly	
				965					970					975		
Val	Leu	Ser	His	Thr	Asn	Leu	Ala	Thr	Gly	Gly	His	Leu	Trp	Thr	Trp	
			980					985					990			
Lys	Ile	Phe	Thr	Gln	Val	Pro	Pro	Tyr	Ala	Arg	Ser	Ile	Glu	Val	Trp	
		995					1000					1005				
Gly	Arg	Pro	Val	Gly	Val	Pro	Leu	Pro	Asp	Gly	Val	Thr	Thr	Asp		
	1010					1015					1020					
Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Leu	Leu	Gly	Thr	Ala	Ala	Pro	Asn	Ala	Gly		
	1025					1030					1035					
Val	Glu	Ala	Leu	Leu	Pro	Val	Ala	Ala	Thr	Trp	Asp	Val	Arg	Ala		
	1040					1045					1050					
Arg	Leu	Thr	Thr	Phe	Val	Pro	Gly	Leu	Glu	Gly	Arg	Ser	Phe	Met		
	1055					1060					1065					
Leu	Asp	Met	Val	Asp	Arg	Leu	Glu	Ile	Val	Pro	Pro	Thr	Pro	Thr		
	1070					1075					1080					
Glu	Phe	Arg	Leu	Val	Thr	Glu	Gln	Asp	Gly	Gln	Ser	Arg	Met	Gly		
	1085					1090					1095					
Ser	Arg	Arg	Phe	Ser	Trp	Leu	Met	Pro	Asp	Pro	Pro	Pro	Phe	Ala		
	1100					1105					1110					

Glu	Arg	Trp	Gly	Gly	Gly	Leu	Val	Ser	Asp	Ile	Ala	Gly	Phe	Glu
1115						1120					1125			
Val	Arg	Tyr	Arg	Ser	Gly	Val	Asp	Val	Gly	Trp	Glu	Gly	Ala	Phe
1130						1135					1140			
Pro	Leu	Leu	Ser	Asp	Gly	Val	Pro	Gly	Asp	Thr	Phe	Trp	Phe	Glu
1145						1150					1155			
Thr	His	Leu	Met	Asp	Tyr	Gly	Thr	Phe	Thr	Val	Met	Leu	Arg	Ala
1160						1165					1170			
Arg	Asp	Arg	Thr	Gly	Trp	Val	Ser	Asp	Glu	Met	Ala	Val	Val	Thr
1175						1180					1185			
Val	Gly	Ile	Gly	Gln	Pro	Leu	Pro	Thr	Asn	Val	Leu	Thr	Leu	Leu
1190						1195					1200			
Asp	Leu	Ser	Leu	Glu	Gly	Trp	Pro	Gly	Asp	Leu	Ala	Asn	Gly	Thr
1205						1210					1215			
Val	Val	Gly	Ser	Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Tyr	Phe	Pro	Pro	Thr	Thr
1220						1225					1230			
Glu	Asp	Leu	Tyr	Glu	Ala	Pro	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Tyr	Ser	Gly
1235						1240					1245			
Arg	Ser	Gly	Gly	Glu	Leu	Val	Gln	Asn	Asp	Pro	Ala	Gln	Pro	Met
1250						1255					1260			
Val	Tyr	Arg	Ala	Leu	Leu	Glu	Val	Glu	Val	Asp	Gly	Ser	Ala	Leu
1265						1270					1275			
Leu	Ile	Tyr	Thr	Glu	Ser	Asp	Thr	Gly	Ser	Tyr	Arg	Trp	Arg	Leu
1280						1285					1290			
Glu	Asp	Ile	Ser	Thr	Val	Gly	Leu	Gly	Leu	Arg	Tyr	Val	Ala	Pro
1295						1300					1305			
Thr	Thr	Asp	Pro	Met	Tyr	Asp	Val	Ala	Glu	Glu	Ala	Pro	Phe	His
1310						1315					1320			
Leu	Gly	Glu	Phe	Leu	Ser	Gly	Gly	Ala	Gly	Leu	His	Pro	Tyr	Ala
1325						1330					1335			
Pro	His	Gln	Lys	Leu	Thr	Ala	Gly	Leu	Trp	Gln	Ile	Ser	Leu	Glu
1340						1345					1350			
Ala	Ile	Ala	Ser	Thr	Thr	Asn	Val	Pro	Ala	Arg	Ile	Gln	Asp	Val
1355						1360					1365			
Asp	Val	Val	Leu	Asp	Val	Pro	Asp	Val	Val	Trp	Thr	Ile	Glu	Asp
1370						1375					1380			
Tyr	Glu	Ala	Gly	Val	Gly	Val	Thr	Ser	Val	Pro	Leu	Pro	Pro	Gly
1385						1390					1395			
Leu	Phe	Arg	Arg	Val	Lys	Ala	Val	Ser	Met	Ala	Val	Gln	Asp	Asp
1400						1405					1410			

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

295/359

Thr Val Ala Ala Gly Val Ala Val Gly Gly Arg Ile Val Tyr Lys
 1415 1420 1425

Gly Thr Asp Arg Ile Asp Leu Arg Thr Val Asp Ala Ser Gly Ala
 1430 1435 1440

Asp Thr Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Val Val Gly Tyr
 1445 1450 1455

<210> 426

<211> 602

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 36042 right: 37847 frame: -1 size(aa): 602

<400> 426

Pro Gly Pro Arg Leu Pro Ile Glu Gln Pro Ser Arg Pro Ala Gly Glu
 1 5 10 15

Gly Cys Arg Gly Cys Arg Val Glu Arg Asp Arg Val Ala Val Leu Gly
 20 25 30

Asn His Pro Thr Ala Glu Ala Asp Pro Ala Leu Val Arg Val His Asp
 35 40 45

Leu Asp Lys Ile Pro Arg Ala Gln Gly His Ala Asp Gly Ala His Leu
 50 55 60

Glu Arg His Arg Val Val Gln Asp Arg Leu Arg Gln Glu Arg Pro Leu
 65 70 75 80

Gly Arg Pro Gln Gly Leu Pro Pro Gly Gly Asp Ala Val Glu Pro Glu
 85 90 95

Leu Gln Arg Pro Val Ala Lys Ala Gly Gln Gly Ile Ala Val Arg Asp
 100 105 110

Val Leu His Pro Gly Leu Val Gly Val Gly Arg Val Val Pro Gly Asp
 115 120 125

Gln Thr Asp Gly Val Pro Gly Ala Phe Gly Arg Ala Leu Ile Leu Glu
 130 135 140

Ala Gly Leu Asp Asp Arg Ala Arg Val Val Asp Gly Leu Leu Asp Val
 145 150 155 160

Gly Trp Val Glu Arg Val Gln Glu Val Pro Gly Gly Val Leu Gly Ala
 165 170 175

Asp His Gln Ala Gly Thr Pro Lys Asp Leu Pro Pro Glu Asp Arg Arg
 180 185 190

Gln Leu Leu Glu Asp His Pro Gly Val Val Leu Gly Gly Gln Asp Gln
 195 200 205

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

296/359

210					215					220					
Ala	Val	Ala	Val	Leu	Ala	Asp	Gly	Ile	Glu	Gly	Pro	Leu	Val	Asp	Gln
225					230					235					240
His	Arg	Ile	Asp	Arg	Leu	Ala	Gln	Ala	Val	Pro	Gly	Val	Arg	His	His
				245					250					255	
Val	Val	Glu	Ala	Pro	Gly	Gly	Val	Val	Gly	Pro	Val	Leu	Leu	Glu	Ala
			260					265					270		
Pro	Val	Pro	His	Pro	Ala	Val	Gly	Ala	Gly	Pro	Gly	Val	Val	Val	Arg
			275				280					285			
Gly	Tyr	Leu	Ala	Asp	Leu	Ala	Val	Gln	Val	Asp	Gly	Asp	Arg	Arg	Gln
	290					295					300				
Val	Gly	Val	Pro	Val	Arg	Pro	Gly	Gly	Gln	Gly	Glu	Arg	Gly	Thr	Val
305					310					315					320
Pro	Ala	Pro	Gln	Arg	Gln	His	Arg	Ala	Lys	Ala	Glu	Ile	Arg	Glu	Ala
				325					330					335	
Glu	Arg	Arg	Ala	Glu	Arg	Arg	Asp	Arg	Arg	Phe	Glu	Gly	Val	Val	Val
			340					345					350		
Cys	Gly	His	Pro	His	Asp	Pro	Asp	His	Pro	Gly	Pro	Arg	Ala	Gly	Gln
		355					360					365			
Val	Pro	Phe	Val	Leu	Pro	Leu	Glu	Arg	Pro	Ala	Glu	Leu	Ala	Glu	Gly
	370					375					380				
Glu	Ala	Gly	Glu	His	Glu	Ser	Asp	Asp	Pro	Val	Gly	Val	Gly	Val	Val
385					390					395					400
Asp	Gln	Val	Arg	His	Leu	Gly	Leu	Asp	Asp	Val	Ala	Arg	Leu	Leu	Glu
				405					410					415	
Arg	Asp	Glu	Gln	Arg	Leu	Pro	Gly	Glu	Asp	His	Pro	Gly	Pro	Val	Leu
			420					425					430		
Gly	Gly	Arg	Val	Ala	Gly	His	Arg	Arg	Gly	Glu	His	Arg	Glu	Arg	Cys
		435					440					445			
Leu	Asp	Gly	Leu	Ala	Asp	Pro	Asp	Gly	Val	Pro	Leu	Asp	Pro	Val	Pro
	450					455					460				
Arg	Asp	Arg	Arg	Leu	Val	Glu	Gly	Ala	Val	Ala	Gln	His	Gln	Val	Phe
465					470					475					480
Tyr	Gly	His	Arg	Ala	Ala	Gln	Ala	Pro	Asp	Gly	Gln	Arg	Gly	Val	Val
				485					490					495	
Gln	Val	Gly	Ala	Gly	Gln	Glu	Ala	Ala	Pro	Ala	Ala	Pro	Leu	Leu	Arg
			500					505					510		
Pro	Pro	Asp	Arg	Pro	Leu	Ala	Gln	Glu	Glu	Leu	His	Leu	Gly	Glu	Ala
			515				520					525			
Asp	Arg	Ala	Gln	Glu	Gly	Ala	Val	Arg	Ala	Gly	Asp	Gly	Arg	Pro	Gly
	530					535					540				

Leu Leu Gly Pro Ala Ala Ala Asp Ala Ala Gly Ser Arg Asp Glu Leu
545 550 555 560

His Thr Asn Cys Pro Ala Thr Arg Pro Arg Arg Pro Arg Glu Pro Leu
565 570 575

Thr Leu Ile Gly Arg Leu Ile Gly Arg Leu Pro Lys Glu Lys Leu Ile
580 585 590

Thr Ser Gly Phe Ser Thr Arg Arg Arg Pro
595 600

<210> 427

<211> 79

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 36116 right: 36352 frame: -3 size(aa): 79

<400> 427

Val Leu Ala Arg Arg Pro Pro Gln Leu Arg Pro Ser Phe Gly Pro Gln
1 5 10 15

Ile Gly Pro Ser His Arg Arg Asn Cys Ile Trp Ala Lys Leu Ile Glu
20 25 30

Arg Arg Lys Ala Leu Ser Gly Leu Val Met Gly Ala Arg Gly Phe Leu
35 40 45

Val Pro Pro Pro Pro Met Pro Pro Ala Pro Glu Met Ser Phe Ile Arg
50 55 60

Thr Ala Pro Gln Arg Gly Pro Gly Asp Pro Gly Ser Arg Ser Arg
65 70 75

<210> 428

<211> 434

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 36122 right: 37423 frame: 3 size(aa): 434

<400> 428

Ala Ala Pro Gly Val Ser Trp Ala Ser Leu Arg Gly Ser Ser Tyr Glu
1 5 10 15

Ala His Leu Trp Ser Arg Arg His Arg Arg Arg Arg Asp Gln Glu Ala
20 25 30

Pro Gly Ala His His Gln Pro Gly Gln Arg Leu Pro Ala Leu Asp Gln
35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

298/359

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

299/359

370

375

380

Val Asp Leu Pro Gly Ala Asp Leu Leu Glu Cys Arg Pro Gly Gly Gln
 385 390 395 400

His Pro Gly Arg Pro Arg Gly Leu Pro Val His Val Gln Pro Ile Gln
 405 410 415

Arg Arg Ala Asp Arg Arg Arg Leu Trp Arg Gly Arg Pro Ala Leu Leu
 420 425 430

Arg Val

<210> 429

<211> 79

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 36169 right: 36405 frame: 2 size(aa): 79

<400> 429

Ser Ser Ser Leu Glu Pro Ala Ala Ser Ala Ala Ala Gly Pro Arg Ser
 1 5 10 15

Pro Gly Arg Pro Ser Pro Ala Arg Thr Ala Pro Ser Cys Ala Arg Ser
 20 25 30

Ala Ser Pro Arg Cys Ser Ser Ser Cys Ala Arg Gly Arg Ser Gly Gly
 35 40 45

Arg Arg Arg Gly Ala Ala Gly Ala Ala Ser Trp Pro Ala Pro Thr Trp
 50 55 60

Thr Thr Pro Arg Cys Pro Ser Gly Ala Trp Ala Ala Arg Cys Pro
 65 70 75

<210> 430

<211> 78

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 36265 right: 36498 frame: -2 size(aa): 78

<400> 430

Arg Thr Gly Arg Pro Arg Trp Cys Ser Thr Gly Pro Arg Thr Pro Gly
 1 5 10 15

Pro Pro Ser Gly Arg Arg Cys Arg Ser Ser Ala Pro Gly Leu Leu Arg
 20 25 30

Ala Pro Cys Arg Pro Gly Pro Gly Arg Thr Ala Gly Cys Arg Pro Gly
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

300/359

Arg Cys Trp Pro Gly Gly Arg Pro Ser Cys Ala Pro Pro Ser Ala Pro
 50 55 60

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

<210> 431

<211> 73

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 36424 right: 36642 frame: 2 size(aa): 73

<400> 431

Ala Thr Ala Pro Ser Thr Arg Arg Arg Ser Arg Gly Thr Gly Ser Ser
 1 5 10 15

Gly Thr Pro Ser Gly Ser Ala Ser Pro Ser Arg His Arg Ser Arg Cys
 20 25 30

Ser Pro Arg Arg Cys Pro Ala Thr Arg Pro Pro Ser Thr Gly Pro Gly
 35 40 45

Trp Ser Ser Pro Gly Arg Arg Cys Ser Ser Arg Ser Ser Arg Arg Ala
 50 55 60

Thr Ser Ser Arg Pro Arg Cys Arg Thr
 65 70

<210> 432

<211> 74

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 36428 right: 36649 frame: -3 size(aa): 74

<400> 432

Ser Ile Arg Tyr Gly Thr Trp Ala Ser Thr Thr Ser Pro Val Cys Leu
 1 5 10 15

Asn Ala Thr Ser Ser Ala Ser Gln Val Arg Thr Thr Arg Ala Arg Cys
 20 25 30

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

Ala Leu Thr Asp Trp Pro Thr Pro Met Val Phe His Trp Thr Pro Tyr
 50 55 60

Pro Gly Thr Ala Val Trp Ser Lys Val Pro
 65 70

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

301/359

<210> 433
 <211> 146
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 36646 right: 37083 frame: 2 size(aa): 146

<400> 433

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

<210> 434
 <211> 112
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 36653 right: 36988 frame: -3 size(aa): 112

<400> 434

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

302/359

35 40 45
 Lys Leu Asn Ala Glu Arg Asn Asp Ala Ile Gly Val Ser Arg Ala Ser
 50 55 60
 Ser Ser Ala Ala Ile Arg Met Thr Arg Thr Thr Gln Gly Pro Gly Pro
 65 70 75 80
 Ala Arg Ser His Ser Cys Ser Arg Trp Asn Gly Pro Leu Asn Leu Pro
 85 90 95
 Lys Val Lys Pro Ala Asn Thr Ser Arg Thr Thr Pro Leu Ala Ser Val
 100 105 110

<210> 435
 <211> 93
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 37039 right: 37317 frame: -2 size(aa): 93

<400> 435

Pro Pro Gly Arg His Ser Lys Arg Ser Ala Pro Gly Arg Ser Thr Pro
 1 5 10 15
 Ala Ala Gly Gly Pro Pro Arg Arg Arg Ser Gly Arg Pro Gly Ser Gly
 20 25 30
 Cys Thr Glu Thr Ala Ala Pro Ala Pro Arg Arg Arg Arg Ala Pro Gly
 35 40 45
 Arg Arg Ser Thr Gly Arg Trp Asn Arg Gly Thr Thr Cys Arg Ser Ala
 50 55 60
 Pro Asp Arg Ser Thr Arg Pro Gly Arg Thr Trp Gly Ser Ser Pro Cys
 65 70 75 80
 Arg Arg Ser Thr Arg Arg Gly Cys Arg Ser Ser Pro Pro
 85 90

<210> 436
 <211> 113
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 37151 right: 37489 frame: -3 size(aa): 113

<400> 436

Ala Leu Ala Gly Ser Ser Gln Glu Thr Arg Gln Thr Val Cys Arg Val
 1 5 10 15
 Arg Leu Ala Val Pro Ser Tyr Ser Lys Gln Gly Trp Thr Thr Ala Pro
 20 25 30

Glu Ser Ser Thr Val Cys Ser Thr Leu Asp Gly Leu Asn Val Tyr Arg
 35 40 45

Lys Ser Pro Gly Ala Ser Trp Val Leu Thr Thr Arg Pro Ala Leu Gln
 50 55 60

Lys Ile Cys Pro Arg Lys Ile Asp Ala Ser Cys Trp Arg Thr Thr Gln
 65 70 75 80

Ala Ser Phe Trp Ala Ala Arg Ile Arg Leu His Arg Asn Arg Arg Ser
 85 90 95

Ser Pro Pro Pro Thr Ala Gly Thr Arg Pro Ser Gln Tyr Trp Pro Met
 100 105 110

Glu

<210> 437
 <211> 140
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 37228 right: 37647 frame: 2 size(aa): 140

<400> 437

Ser Trp Pro Pro Arg Thr Thr Pro Gly Trp Ser Ser Ser Ser Trp Arg
 1 5 10 15

Arg Ser Ser Gly Gly Arg Ser Phe Gly Val Pro Ala Trp Trp Ser Ala
 20 25 30

Pro Arg Thr Pro Pro Gly Thr Ser Cys Thr Arg Ser Thr His Pro Thr
 35 40 45

Ser Ser Arg Pro Ser Thr Thr Leu Ala Arg Ser Ser Ser Pro Ala Ser
 50 55 60

Ser Met Arg Ala Arg Pro Asn Ala Pro Gly Thr Pro Ser Val Trp Ser
 65 70 75 80

Pro Gly Thr Thr Arg Pro Thr Pro Thr Ser Pro Gly Trp Ser Thr Ser
 85 90 95

Arg Thr Ala Met Pro Trp Pro Ala Leu Ala Thr Gly Arg Trp Ser Ser
 100 105 110

Gly Ser Thr Ala Ser Pro Pro Gly Gly Arg Pro Cys Gly Arg Pro Ser
 115 120 125

Gly Arg Ser Cys Arg Arg Arg Ser Trp Thr Thr Arg
 130 135 140

<210> 438
 <211> 69
 <212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

304/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 37360 right: 37566 frame: -2 size(aa): 69

<400> 438

Ala Gly Ala Pro Ala Ala Gly Ser Gln Gly Gly Pro Gly His Arg Cys
1 5 10 15

Pro Arg Cys Thr Pro Pro Gly Ala Gly Arg Arg Trp Pro Gly Arg Pro
20 25 30

Arg Arg Pro Asp Arg Arg Cys Ala Gly Cys Val Trp Pro Cys Pro His
35 40 45

Thr Arg Ser Arg Ala Gly Arg Pro Arg Gln Ser Arg Arg Arg Ser Ala
50 55 60

Arg Arg Trp Met Gly
65

<210> 439

<211> 337

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 37427 right: 38437 frame: 3 size(aa): 337

<400> 439

Gly His Gly Gln Thr His Pro Ala His Arg Leu Ser Gly Leu Leu Gly
1 5 10 15

Arg Pro Gly Gln Arg Leu Pro Ala Pro Gly Gly Val His Arg Gly Gln
20 25 30

Arg Cys Pro Gly Pro Pro Trp Leu Pro Ala Ala Gly Ala Pro Ala Gln
35 40 45

Arg His His His Pro Gly Ala Gly Pro Ala Asp Gly Pro Val Gly Ala
50 55 60

Pro Val Gly Gly Asp Pro Gly Arg His Gly Asp Val Gln Gly Gly Arg
65 70 75 80

His Arg His Gly Pro Ala Pro Trp Gly Ser Cys Gln Gly His Gly Pro
85 90 95

Gly Gln Gly Arg Gly Pro Leu Arg Arg Ser Gly Gly Cys Pro Gly Arg
100 105 110

Arg His Asp His Ala Arg Arg Gly Thr Pro Asp Thr Pro Arg Arg Leu
115 120 125

Gly Gly Arg Ala Val Leu Leu Ala Val Gly Gly Arg Ala Thr Pro Gly

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

305/359

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

Ala

<210> 440

<211> 93

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 37547 right: 37825 frame: -3 size(aa): 93

<400> 440

Asn Ser Pro Pro Ala Gln Pro Ala Arg Gly Val Gly Gly Ala Ala Ser
 1 5 10 15
 Ser Val Ile Val Ser Pro Ser Trp Ala Thr Thr Arg Pro Pro Lys Arg
 20 25 30
 Thr Pro Pro Leu Ser Gly Ser Met Thr Leu Thr Arg Ser Pro Gly Arg
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

306/359

Arg Ala Met Pro Met Ala Pro Thr Leu Asn Val Thr Val Ser Ser Arg
 50 55 60

Ile Ala Ser Asp Arg Ser Ala His Trp Ala Val Arg Arg Ala Cys Pro
 65 70 75 80

Arg Val Val Met Pro Leu Ser Arg Ser Ser Ser Gly Arg
 85 90

<210> 441
 <211> 79
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 37651 right: 37887 frame: 2 size(aa): 79

<400> 441

Arg Ser Arg Trp Ala Pro Ser Ala Trp Pro Cys Ala Leu Gly Ile Leu
 1 5 10 15

Ser Arg Ser Trp Thr Arg Thr Arg Ala Gly Ser Ala Ser Ala Val Gly
 20 25 30

Trp Leu Pro Arg Thr Ala Thr Arg Ser Arg Ser Thr Arg His Pro Arg
 35 40 45

His Pro Ser Pro Ala Gly Arg Glu Gly Cys Ser Ile Gly Ser Arg Gly
 50 55 60

Pro Gly Tyr Pro Gly Ser Thr Trp Arg Gly Ser Pro Gly Pro Ser
 65 70 75

<210> 442
 <211> 68
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 37829 right: 38032 frame: -3 size(aa): 68

<400> 442

Arg Arg Ala Val Thr Ala Tyr Arg Phe Trp Pro Ser Ser Ser Ile Pro
 1 5 10 15

Arg Met Arg Asn Gly Trp Ala Ser Arg Leu Gly Thr Ser Ser Ser Gln
 20 25 30

Gly Met Pro Gly Val Gly Arg Leu Ser Ser Pro Gln Pro Glu Thr Val
 35 40 45

Thr Thr Ala Pro Glu Thr Pro Ala Thr Leu Thr Arg Gly Ser Pro Ala
 50 55 60

Pro Asp Cys Gln
65

<210> 443

<211> 707

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 37851 right: 39971 frame: -1 size(aa): 707

<400> 443

Arg Leu Val Ala Asp His Asp Gln Val His Gln Gly Arg Arg Val Gly
1 5 10 15

Pro Gly Gly Val His Arg Pro Gln Val Asp Pro Val Gly Ala Leu Val
20 25 30

Asp Asp Ala Pro Pro Asp Gly His Pro Gly Gly His Gly Val Val Leu
35 40 45

His Arg His Arg Asn Arg Leu Asp Pro Ala Glu Gln Pro Arg Trp Gln
50 55 60

Arg Asp Arg Cys Asp Ala His Thr Gly Leu Val Val Leu Asp Arg Pro
65 70 75 80

Asp Asp Val Gly His Val Glu Asp His Ile Asp Val Leu Asp Pro Gly
85 90 95

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

Ala Gly Gly Gln Leu Leu Val Gly Gly Val Gly Val Glu Pro Arg Pro
115 120 125

Ala Ala Gln Glu Leu Ala Gln Val Glu Trp Arg Leu Leu Gly Asp Val
130 135 140

Val His Arg Val Gly Arg Arg Gly Asp Val Pro Glu Pro Gln Ala Asp
145 150 155 160

Arg Ala Asp Val Leu Lys Pro Pro Ala Val Arg Pro Gly Val Gly Phe
165 170 175

Cys Val Asp Gln Gln Gly Ala Ala Val Tyr Leu His Leu Gln Gln Gly
180 185 190

Pro Val Asp His Gly Leu Gly Arg Val Val Leu Asp Glu Leu Thr Ala
195 200 205

Ala Pro Ala Ala Val Asp Arg Leu Leu Gln Gly Arg Leu Val Gln Val
210 215 220

Leu Gly Gly Gly Trp Glu Val Glu Gln Arg Ala Ser Arg Ala Asp His
225 230 235 240

Gly Ala Val Cys Gln Ile Ser Arg Pro Ala Leu Gln Arg Gln Val Glu

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

308/359

				245					250					255			
Gln	Arg	Lys	Asp	Val	Gly	Gly	Gln	Gly	Leu	Ala	Asp	Ala	His	Arg	His		
			260					265					270				
Asp	Arg	His	Leu	Ile	Gly	Asp	Pro	Pro	Gly	Pro	Val	Pro	Gly	Pro	Glu		
		275					280					285					
His	Asp	Arg	Glu	Gly	Pro	Val	Val	His	Gln	Val	Gly	Leu	Glu	Pro	Glu		
	290					295					300						
Gly	Val	Pro	Gly	Asp	Ala	Val	Gly	Gln	Gln	Gly	Glu	Ser	Ala	Leu	Pro		
305					310					315					320		
Ala	His	Ile	Asp	Ala	Ala	Pro	Val	Ala	His	Leu	Glu	Thr	Gly	Asp	Val		
			325					330						335			
Ala	His	Gln	Ala	Ala	Ala	Pro	Ala	Leu	Gly	Glu	Arg	Trp	Arg	Val	Arg		
		340						345					350				
His	Glu	Pro	Arg	Glu	Pro	Ala	Ala	Ala	His	Pro	Ala	Leu	Ala	Val	Leu		
		355				360						365					
Leu	Gly	Asp	Gln	Ala	Glu	Leu	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Asp	Asp	Leu	Gln		
	370					375					380						
Ala	Val	His	His	Val	Glu	His	Glu	Arg	Pro	Pro	Leu	Gln	Ala	Gly	His		
385					390				395						400		
Lys	Arg	Gly	Gln	Pro	Gly	Pro	His	Val	Pro	Gly	Ser	Cys	His	Gly	Gln		
				405					410					415			
Gln	Gly	Leu	Asp	Ala	Gly	Ile	Arg	Gly	Ser	Gly	Ala	Gln	Lys	Asp	Val		
			420					425					430				
Ala	Val	Leu	Val	Gly	Gly	Asp	Ala	Val	Gly	Gln	Trp	His	Pro	Asp	Gly		
		435				440					445						
Pro	Pro	Pro	His	Leu	Asp	Arg	Ala	Gly	Val	Arg	Arg	His	Leu	Gly	Glu		
	450					455					460						
Asp	Leu	Pro	Gly	Pro	Glu	Val	Ala	Ala	Ser	Gly	Gln	Val	Arg	Val	Arg		
465					470					475					480		
Gln	Asp	Ala	Ser	Arg	Ala	Gly	Leu	Ala	Pro	Gly	Val	Arg	Asp	Asp	Arg		
				485					490					495			
Leu	Glu	Val	Gly	Asp	Arg	Glu	Pro	His	Leu	Glu	Arg	Arg	Gly	Leu	Lys		
			500					505					510				
Leu	Arg	Arg	Pro	Glu	Arg	Leu	Gly	Ala	Gly	Phe	Ala	His	Arg	Arg	His		
		515					520					525					
Pro	Asp	Leu	Val	Pro	Gly	Leu	Arg	Leu	Val	Pro	His	Gln	Gly	Asp	Arg		
	530					535					540						
Leu	Gly	Gly	Val	Gly	Leu	Ser	Val	Tyr	Leu	Arg	Pro	Leu	Ile	Gly	Pro		
545					550					555					560		
Gly	Asp	Leu	Pro	Ala	Ser	Pro	Asp	Leu	Ala	Pro	Leu	Val	Leu	Glu	Pro		
				565					570					575			

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

309/359

Val Val Gly Gly Gly Gln Val Glu Thr Ala Ile Asp Glu Tyr Pro Val
580 585 590

Leu Gly Ala Pro Val Asp Leu Glu Leu Gly Leu Ala Val Val Pro Asp
595 600 605

Asp Leu Gly Ile Gln Asp Arg Arg Gly Gln Arg Val Gln Gln Leu Glu
610 615 620

Gln Val Val Leu Val Val Arg Glu Arg Gly Ile Glu Val His Pro Val
625 630 635 640

Val Asp Val Gly Pro Val Ala Gln Gly Arg Asp Gly Val Pro Val Leu
645 650 655

Ala Glu Leu Leu Asp Thr Gln Asp Ala Glu Arg Leu Gly Leu Gln Val
660 665 670

Gly His Leu Gln Gln Pro Gly His Ala Gly Gly Gly Pro Ala Val Val
675 680 685

Ala Pro Ala Gly Asp Arg His Asp Gly Pro Gly Asp Pro Arg His Val
690 695 700

Asp Pro Gly
705

<210> 444

<211> 53

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 37861 right: 38019 frame: -2 size(aa): 53

<400> 444

Arg Arg Thr Gly Ser Gly Arg Ala Pro Arg Tyr Pro Gly Cys Gly Thr
1 5 10 15

Ala Gly Pro Pro Gly Trp Ala Pro Pro Ala Ala Arg Ala Cys Arg Gly
20 25 30

Trp Ala Gly Cys Arg Arg Pro Ser Arg Arg Pro Ser Arg Arg Pro Arg
35 40 45

Arg Pro Pro Pro Arg
50

<210> 445

<211> 81

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 37891 right: 38133 frame: 2 size(aa): 81

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

310/359

<400> 445

Arg Ser Pro Ala Gly Ala Thr Thr Ala Gly Pro Pro Pro Ala Cys Pro
 1 5 10 15

Gly Cys Trp Arg Cys Pro Thr Trp Arg Pro Ser Arg Ser Ala Ser Trp
 20 25 30

Val Ser Arg Ser Ser Ala Arg Thr Gly Thr Pro Ser Arg Pro Cys Ala
 35 40 45

Thr Gly Pro Thr Ser Thr Thr Gly Trp Thr Ser Ile Pro Arg Ser Arg
 50 55 60

Thr Thr Arg Thr Thr Cys Ser Ser Cys Trp Thr Arg Cys Pro Arg Arg
 65 70 75 80

Ser

<210> 446

<211> 59

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38137 right: 38313 frame: 2 size(aa): 59

<400> 446

Met Pro Arg Ser Ser Gly Thr Thr Ala Arg Pro Ser Ser Arg Ser Thr
 1 5 10 15

Gly Ala Pro Lys Thr Gly Tyr Ser Ser Met Ala Val Ser Thr Cys Pro
 20 25 30

Pro Pro Thr Thr Gly Ser Ser Thr Ser Gly Ala Arg Ser Gly Leu Ala
 35 40 45

Gly Arg Ser Pro Gly Pro Ile Ser Gly Arg Arg
 50 55

<210> 447

<211> 59

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38290 right: 38466 frame: -2 size(aa): 59

<400> 447

Gly Thr Thr Pro Arg Ala Ala Trp Pro Gln Ala Pro Pro Thr Arg Ala
 1 5 10 15

Thr Arg Arg Arg Leu Cys Pro Pro Thr Pro Ser Gly Pro Cys Thr Gly

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

311/359

20

25

30

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

Val Gly Leu Pro Pro Pro Thr Asp Trp Ser Arg
 50 55

<210> 448

<211> 98

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38303 right: 38596 frame: -3 size(aa): 98

<400> 448

Gly Gly Thr Trp Val Lys Ile Phe Gln Val Gln Arg Trp Pro Pro Val
 1 5 10 15

Ala Arg Phe Val Cys Asp Arg Thr Pro Ala Gly Pro Val Ser Pro Pro
 20 25 30

Gly Cys Gly Thr Ile Asp Ser Lys Ser Gly Ile Gly Asn His Thr Ser
 35 40 45

Ser Gly Val Ala Ser Ser Ser Ala Asp Gln Ser Asp Ser Ala Pro Ala
 50 55 60

Leu Pro Thr Asp Ala Ile Arg Thr Leu Tyr Arg Val Cys Ala Trp Tyr
 65 70 75 80

Pro Thr Arg Gly Ile Val Ser Val Val Ser Val Cys Arg Ser Thr Ser
 85 90 95

Ala His

<210> 449

<211> 148

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38317 right: 38760 frame: 2 size(aa): 148

<400> 449

Thr Asp Arg Pro Thr Pro Pro Arg Arg Ser Pro Trp Trp Gly Thr Arg
 1 5 10 15

Arg Arg Pro Gly Thr Arg Ser Gly Trp Arg Arg Trp Ala Lys Pro Ala
 20 25 30

Pro Ser Arg Ser Gly Arg Arg Ser Leu Arg Pro Arg Arg Ser Arg Cys
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

312/359

Gly Ser Leu Ser Pro Thr Ser Ser Arg Ser Ser Arg Thr Pro Gly Ala
 50 55 60
 Arg Pro Ala Arg Leu Ala Ser Cys Arg Thr Arg Thr Trp Pro Leu Ala
 65 70 75 80
 Ala Thr Ser Gly Pro Gly Arg Ser Ser Pro Arg Cys Arg Leu Thr Pro
 85 90 95
 Ala Arg Ser Arg Cys Gly Gly Gly Pro Ser Gly Cys His Cys Pro Thr
 100 105 110
 Ala Ser Pro Pro Thr Arg Thr Ala Thr Ser Phe Trp Ala Pro Leu Pro
 115 120 125
 Arg Met Pro Ala Ser Arg Pro Cys Cys Pro Trp Gln Leu Pro Gly Thr
 130 135 140
 Cys Gly Pro Gly
 145

<210> 450

<211> 234

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38441 right: 39142 frame: 3 size(aa): 234

<400> 450

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

Arg Pro Glu Pro Asp Gly Gln Pro Pro Val Leu Leu Ala His Ala Gly
145 150 155 160

Pro Ala Thr Val Arg Arg Ala Leu Gly Arg Arg Pro Gly Glu Arg His
165 170 175

Arg Arg Phe Arg Gly Ala Leu Pro Glu Arg Arg Arg Cys Gly Leu Gly
180 185 190

Gly Arg Phe Pro Pro Ala Val Arg Arg Arg Pro Arg Gly His Leu Leu
195 200 205

Val Arg Asp Pro Pro Asp Gly Leu Arg Asp Leu His Gly His Ala Pro
210 215 220

Gly Pro Gly Pro Asp Arg Val Gly Leu Arg
225 230

<210> 451

<211> 103

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38678 right: 38986 frame: -3 size(aa): 103

<400> 451

Arg Thr Ser Lys Pro Ala Met Ser Leu Thr Arg Pro Pro Pro Gln Arg
1 5 10 15

Ser Ala Asn Gly Gly Gly Ser Gly Met Ser Gln Glu Asn Arg Arg Leu
20 25 30

Pro Ile Arg Leu Trp Pro Ser Cys Ser Val Thr Arg Arg Asn Ser Val
35 40 45

Gly Val Gly Gly Thr Ile Ser Arg Arg Ser Thr Met Ser Ser Met Asn
50 55 60

Asp Arg Pro Ser Arg Pro Gly Thr Asn Val Val Ser Arg Ala Arg Thr
65 70 75 80

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

Ala Ala Val Pro Lys Arg Met
100

<210> 452

<211> 65

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38764 right: 38958 frame: 2 size(aa): 65

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

314/359

<400> 452

Pro Arg Leu Cys Pro Ala Trp Arg Gly Gly Arg Ser Cys Ser Thr Trp
 1 5 10 15

Trp Thr Ala Trp Arg Ser Ser Pro Pro Pro Pro Ser Ser Ala Trp
 20 25 30

Ser Pro Ser Arg Thr Ala Arg Ala Gly Trp Ala Ala Ala Gly Ser Leu
 35 40 45

Gly Ser Cys Arg Thr Arg His Arg Ser Pro Ser Ala Gly Ala Ala Ala
 50 55 60

Trp
 65

<210> 453

<211> 61

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 38914 right: 39096 frame: -2 size(aa): 61

<400> 453

Arg Ser Arg Ser Pro Ser Gly Gly Ser Arg Thr Arg Arg Cys Pro Arg
 1 5 10 15

Gly Arg Arg Arg Thr Ala Gly Gly Lys Arg Pro Pro Ser Pro His Arg
 20 25 30

Arg Arg Ser Gly Ser Ala Pro Arg Asn Arg Arg Cys Arg Ser Pro Gly
 35 40 45

Arg Arg Pro Ser Ala Arg Arg Thr Val Ala Gly Pro Ala
 50 55 60

<210> 454

<211> 63

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 39089 right: 39277 frame: -3 size(aa): 63

<400> 454

Asn Ser Gly Leu Val Glu Pro Thr Thr Val Pro Phe Ala Arg Ser Pro
 1 5 10 15

Gly Gln Pro Ser Ser Asp Arg Ser Ser Ser Val Arg Thr Leu Val Gly
 20 25 30

Arg Gly Trp Pro Met Pro Thr Val Thr Thr Ala Ile Ser Ser Glu Thr
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

315/359

His Pro Val Arg Ser Arg Ala Arg Ser Met Thr Val Lys Val Pro
 50 55 60

<210> 455

<211> 85

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 39160 right: 39414 frame: 2 size(aa): 85

<400> 455

Arg Trp Ala Ser Ala Ser Pro Cys Pro Pro Thr Ser Leu Arg Cys Ser
 1 5 10 15

Thr Cys Arg Trp Arg Ala Gly Leu Glu Ile Trp Gln Thr Ala Pro Trp
 20 25 30

Ser Ala Arg Leu Ala Arg Cys Ser Thr Ser His Pro Pro Pro Arg Thr
 35 40 45

Cys Thr Arg Arg Pro Trp Arg Arg Arg Ser Thr Ala Ala Gly Ala Ala
 50 55 60

Val Ser Ser Ser Arg Thr Thr Arg Pro Ser Pro Trp Ser Thr Gly Pro
 65 70 75 80

Cys Trp Arg Trp Arg
 85

<210> 456

<211> 72

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 39268 right: 39483 frame: -2 size(aa): 72

<400> 456

Cys Pro Gln Ala Ala Ser Gly Thr Thr Arg Cys Arg Ile Leu Cys Arg
 1 5 10 15

Ser Ala Gly Arg Cys Arg Leu Pro Pro Pro Pro Ala Gly Pro Gly Arg
 20 25 30

Pro Trp Ala Gly Pro Gly Arg Ser Gly Arg Ala His Arg Arg Ser Gly
 35 40 45

Arg Cys Arg Ser Pro Pro Pro Gly Ala Pro Arg Thr Gly Pro Arg Trp
 50 55 60

Trp Val Gly Ser Arg Thr Ala Gly
 65 70

<210> 457
 <211> 55
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 39440 right: 39604 frame: -3 size(aa): 55

<400> 457

Gly	Trp	Ser	Pro	Ala	Pro	Pro	Leu	Arg	Asn	Ser	Pro	Arg	Trp	Asn	Gly
1				5					10					15	
Ala	Ser	Ser	Ala	Thr	Ser	Tyr	Ile	Gly	Ser	Val	Val	Gly	Ala	Thr	Tyr
			20					25					30		
Arg	Ser	Pro	Arg	Pro	Thr	Val	Leu	Met	Ser	Ser	Ser	Arg	Gln	Arg	Tyr
		35					40					45			
Asp	Pro	Val	Ser	Asp	Ser	Val									
	50					55									

<210> 458
 <211> 169
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 39479 right: 39985 frame: 3 size(aa): 169

<400> 458

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

317/359

130

135

140

Gly Arg Leu Arg Gly Arg His Gly Gly Pro Gly Gly Pro Asp Arg Gly
 145 150 155 160

Arg Leu Leu Val Ala Thr Val Leu Ala
 165

<210> 459

<211> 53

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 39487 right: 39645 frame: -2 size(aa): 53

<400> 459

Ser Ala Thr Gly Arg Arg Ser Ala Ser Gly Gly Gly Arg Arg Gly Gly
 1 5 10 15

Ala Pro Pro Arg Arg Ser Gly Thr Arg Pro Gly Gly Met Ala Pro Pro
 20 25 30

Arg Arg Arg Arg Thr Ser Gly Arg Ser Ser Gly Arg Arg Thr Gly Ala
 35 40 45

Pro Gly Arg Pro Cys
 50

<210> 460

<211> 107

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 39628 right: 39948 frame: 2 size(aa): 107

<400> 460

Pro Pro Ala Cys Gly Arg Ser Ala Ser Arg Pro Ser Pro Ala Leu Pro
 1 5 10 15

Thr Cys Pro Pro Gly Ser Arg Thr Ser Met Trp Ser Ser Thr Cys Pro
 20 25 30

Thr Ser Ser Gly Arg Ser Arg Thr Thr Arg Pro Val Trp Ala Ser His
 35 40 45

Arg Ser Arg Cys His Arg Gly Cys Ser Ala Gly Ser Arg Arg Phe Arg
 50 55 60

Trp Arg Cys Arg Thr Thr Pro Trp Pro Pro Gly Trp Pro Ser Gly Gly
 65 70 75 80

Ala Ser Ser Thr Arg Ala Pro Thr Gly Ser Thr Cys Gly Arg Trp Thr
 85 90 95

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

318/359

Pro Pro Gly Pro Thr Arg Arg Pro Trp Trp Thr
 100 105

<210> 461
 <211> 115
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 39808 right: 40152 frame: -2 size(aa): 115

<400> 461

Asp Asp Cys Gly Arg Ile Asp Gly Leu Ile Leu Val Gly Gly Val His
 1 5 10 15

Pro Thr Gln Gly Leu Gly Gln Val Leu Gln Gln Leu Ala Asp Ala Asp
 20 25 30

Pro Glu Leu Leu Pro Gly Asp Ser Gln Val Val Glu Ala Val Gly Phe
 35 40 45

Ala Pro Asp Arg Gln Val Gly His Ala Ser Thr Val Ala Thr Ser Ser
 50 55 60

Arg Pro Arg Ser Gly Pro Pro Gly Pro Pro Cys Arg Pro Arg Arg Arg
 65 70 75 80

Pro Pro Ser Ala Gly Arg Ser Gly Arg Cys Pro Cys Arg Arg Cys Ala
 85 90 95

Pro Arg Arg Pro Pro Arg Arg Pro Arg Cys Arg Pro Ala Pro Pro Ser
 100 105 110

Lys Pro Pro
 115

<210> 462
 <211> 424
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L
 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 39952 right: 41223 frame: 2 size(aa): 424

<400> 462

Ser Trp Ser Ala Thr Ser Arg Tyr Ser Ala Gly Met Thr Asn Leu Pro
 1 5 10 15

Ile Arg Gly Glu Thr Asp Ser Leu Asp Asn Leu Ala Val Thr Arg Glu
 20 25 30

Glu Phe Arg Val Gly Ile Gly Gln Leu Leu Glu Tyr Leu Ala Gln Ala
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

319/359

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

320/359

370

375

380

Gly Ala Gly Ile Thr Val Thr Gly Ala Thr Thr Tyr Gly Val Leu Val
 385 390 395 400

Gln Met Val Val Asn Ser Pro Gly Ala Asp Ser Tyr Tyr Leu His Phe
 405 410 415

Arg Ala Ser Ala Thr Ala Glu Leu
 420

<210> 463

<211> 181

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 39969 right: 40511 frame: 1 size(aa): 181

<400> 463

Ser Leu Gln Cys Trp His Asp Gln Pro Ala Asp Pro Gly Arg Asn Arg
 1 5 10 15

Gln Pro Arg Gln Pro Gly Cys His Pro Gly Gly Val Pro Gly Arg His
 20 25 30

Arg Pro Ala Ala Gly Val Pro Gly Pro Gly Pro Gly Trp Gly Gly His
 35 40 45

His Leu Arg Gly Ser Ala Arg Arg Ser Asp Arg Ser Arg Pro Thr Gly
 50 55 60

Arg Ala Gly Ala Arg His Arg Arg Gly Ala Gly Gly Gly Arg Arg Gln
 65 70 75 80

Pro Ala Gly Ala Leu Asp Val Leu Gly Thr Arg Arg Asp Arg Gly Pro
 85 90 95

Pro Arg Arg Leu Arg Gly Gln Asp Arg Arg Arg His Asp Arg Arg Pro
 100 105 110

Ala Gly Ala Gln Pro Gln Arg Trp Gly Ala Gly Arg Thr Ala Gln His
 115 120 125

Ala Asp Gln Arg Arg Phe Pro His Arg Pro Ala Glu His Trp Gly Arg
 130 135 140

Leu Trp Pro Asp Gly Arg Gly Ser Phe His Leu Arg Cys Arg Pro Leu
 145 150 155 160

Ala Arg Leu Leu Gln Trp Gly Gln Arg Leu Gly Ala Thr His His Gly
 165 170 175

Gly Gly His Pro Gly
 180

<210> 464

<211> 101

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

321/359

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 39989 right: 40291 frame: 3 size(aa): 101

<400> 464

Pro Thr Cys Arg Ser Gly Ala Lys Pro Thr Ala Ser Thr Thr Trp Leu
 1 5 10 15

Ser Pro Gly Arg Ser Ser Gly Ser Ala Ser Ala Ser Cys Trp Ser Thr
 20 25 30

Trp Pro Arg Pro Trp Val Gly Trp Thr Pro Pro Thr Arg Ile Ser Pro
 35 40 45

Ser Ile Arg Pro Gln Ser Ser Tyr Arg Ala Ser Arg Cys Ser Thr Ser
 50 55 60

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

Pro Gly Tyr Lys Thr Arg Ser Arg Ala Ser Ser Thr Thr Thr Trp Pro
 85 90 95

Arg Pro Ala Ala Ser
 100

<210> 465

<211> 83

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 40040 right: 40288 frame: -3 size(aa): 83

<400> 465

Arg Arg Arg Ser Trp Pro Arg Ser Arg Arg Gly Gly Pro Arg Ser Arg
 1 5 10 15

Leu Val Pro Arg Thr Ser Arg Ala Pro Ala Gly Cys Arg Arg Pro Pro
 20 25 30

Pro Ala Pro Arg Arg Cys Arg Ala Pro Ala Arg Pro Val Gly Arg Leu
 35 40 45

Arg Ser Asp Arg Arg Ala Asp Pro Arg Arg Trp Cys Pro Pro His Pro
 50 55 60

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

Pro Pro Gly

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

322/359

<210> 466
 <211> 301
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 40156 right: 41058 frame: -2 size(aa): 301

<400> 466

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

323/359

```
<210> 468
<211> 80
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 40434 right: 40673 frame: -1 size(aa): 80
```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

324/359

<400> 468

Asn Ala Ser His Glu Thr Val Val Arg Arg Leu Leu Leu Lys Leu Ala
 1 5 10 15

Glu Ser Val Ala Cys Leu Pro Ala Arg Trp Arg Leu Leu Ala Ala Ser
 20 25 30

Met Arg Cys Pro Met Pro Met Ala Val Thr Leu Ala Ala Pro Leu Asn
 35 40 45

Cys Ile Arg Leu Gly Ser Thr Trp Val Pro Ala Thr Val Met Arg Cys
 50 55 60

Ala Glu Thr Leu Ala Pro Leu Gln Lys Pro Ser Gln Arg Ser Ala Pro
 65 70 75 80

<210> 469

<211> 135

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 40689 right: 41093 frame: 1 size(aa): 135

<400> 469

Arg Gln Leu Arg His Pro Gly Leu Pro Tyr Pro Asp Val Phe Arg Leu
 1 5 10 15

Arg His Leu Arg Ser Tyr Lys Leu Leu His Ala Val Gln Arg His Leu
 20 25 30

Arg Cys Ala Gly Gly Gly Asn Asp Trp His Arg Asp Arg Phe His Ser
 35 40 45

Arg Gly Ala Asp Val Arg His Leu Gly Gly Arg Ser Gly Ala Val Gly
 50 55 60

Arg Gly Gly Pro Gly Asn Pro Leu Arg Ala Ala Thr Ala Trp Ala Gly
 65 70 75 80

Asn Ser Pro Leu Pro Ala Leu Leu His Val Leu Ser Gly Gln Arg Gln
 85 90 95

Gly Gly Gly Pro Arg Gly Trp Gly Pro Leu Arg Ser Gln Arg Gln Leu
 100 105 110

Pro Thr Ala Asp Ala Gly Gln Ser Asp Ala Gly Leu Asn Arg Ala Arg
 115 120 125

Ser Gly Arg Pro Trp Gly Ala
 130 135

<210> 470

<211> 67

<212> PRT

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

325/359

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 40898 right: 41098 frame: 3 size(aa): 67

<400> 470

Pro Pro Ser Ser Gly Asp Arg Leu Gly Trp Lys Gln Pro Phe Ala Ser
 1 5 10 15

Ala Thr Ser Arg Ser Phe Arg Ser Thr Ser Gly Arg Arg Pro Gln Gly
 20 25 30

Leu Gly Pro Ser Thr Leu Thr Ala Ser Ala Ser His Ser Gly Cys Gly
 35 40 45

Pro Ile Arg Arg Trp Ala Gln Ser Cys Pro Ile Arg Lys Ala Leu Gly
 50 55 60

Arg Leu Thr
 65

<210> 471

<211> 53

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41062 right: 41220 frame: -2 size(aa): 53

<400> 471

Phe Gly Gly Gly Gly Gly Ser Glu Val Gln Val Val Gly Val Arg Pro
 1 5 10 15

Gly Gly Val Asp His His Leu His Gln Asp Pro Val Gly Gly Arg Ala
 20 25 30

Arg Asp Gly Asp Ala Gly Ala Val Gln Val Lys Arg Pro Arg Ala Phe
 35 40 45

Arg Ile Gly His Asp
 50

<210> 472

<211> 190

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41097 right: 41666 frame: 1 size(aa): 190

<400> 472

Leu Glu Arg Arg Arg His His Arg His Gly Arg Asp His Leu Arg Gly

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

326/359

```

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

```

<210> 473

<211> 152

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41102 right: 41557 frame: 3 size(aa): 152

<400> 473

```

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

```


WO 03/093461

PCT/FR03/01328

327/359

Arg Pro Gly Ala Cys Pro Gly Thr Gly Gly Ala Pro Ala Arg Pro Gly
85 90 95

Arg Leu Gly Gly Leu Pro Gly Ala Arg Asp Arg Arg Pro Gly Leu Pro
100 105 110

Asp Asp Leu Arg Pro Val Gly Ala Val Ala Ala Gly Glu Tyr Arg Leu
115 120 125

His Arg His Leu Gly Gly Pro Gly Val Gly Arg Arg Gly Ala Pro Gln
130 135 140

Pro Gly Arg Pro Thr Val Gly Cys
145 150

<210> 474

<211> 118

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41190 right: 41543 frame: -1 size(aa): 118

<400> 474

Ala Gly Gln Val Gly Ala Pro Pro Gly Ala Gln His Gln Gly Pro Arg
1 5 10 15

Asp Gly Gly Glu Gly Gly Ile His Arg Gln Arg Leu Arg Arg Leu Gly
20 25 30

Val Asp Arg Leu Val Asp Arg Gly Gly Asp His Glu Leu Gln Glu Gly
35 40 45

Pro Pro Ile Ala Gln Gly Glu Arg Gly Arg Pro Arg Cys Arg Gly Arg
50 55 60

Leu Arg Asp Val Pro Gly Gly Gln Pro Cys Leu Val Phe Leu Pro Val
65 70 75 80

Gly Val Ala Gly Val Gly Gly Asp Gly Gly Ala Val Gly Glu Thr Asp
85 90 95

Asp Ala Ala Gly Ile Gly Gln Thr Val Ala His Ser Ser Ala Val Ala
100 105 110

Glu Ala Leu Lys Cys Arg
115

<210> 475

<211> 87

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41224 right: 41484 frame: -2 size(aa): 87

<400> 475

Arg Arg Tyr Ser Pro Ala Ala Thr Ala Pro Thr Gly Arg Arg Ser Ser
 1 5 10 15

Gly Arg Pro Gly Arg Arg Ser Arg Ala Pro Gly Arg Pro Pro Asn Arg
 20 25 30

Pro Gly Arg Ala Gly Ala Pro Pro Val Pro Gly Gln Ala Pro Gly Arg
 35 40 45

Ser Arg Arg Pro Ala Met Pro Arg Ile Pro Ala Gly Arg Cys Cys Gly
 50 55 60

Gly Arg Arg Gly Trp Trp Arg Arg Arg Arg Asp Gly Arg Arg Cys Trp
 65 70 75 80

Asn Arg Ser Asp Gly Ser Ser
 85

<210> 476

<211> 67

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41231 right: 41431 frame: -3 size(aa): 67

<400> 476

Thr Gly Ala Ala Ile Thr Ser Ser Arg Lys Ala Pro Gln Ser Pro Arg
 1 5 10 15

Ala Ser Gly Gly Ala Pro Gly Ala Gly Ala Gly Ser Gly Thr Phe Pro
 20 25 30

Ala Ala Ser His Ala Ser Tyr Ser Cys Arg Ser Val Leu Arg Gly Ser
 35 40 45

Ala Gly Met Val Ala Pro Ser Ala Arg Arg Thr Thr Leu Leu Glu Ser
 50 55 60

Val Arg Arg
 65

<210> 477

<211> 59

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41239 right: 41415 frame: 2 size(aa): 59

<400> 477

Pro Ile Pro Ala Ala Ser Ser Val Ser Pro Thr Ala Pro Pro Ser Pro

329/359

1				5					10					15		
Pro	Thr	Pro	Ala 20	Thr	Pro	Thr	Gly	Arg 25	Asn	Thr	Arg	His	Gly 30	Trp	Pro	
Pro	Gly	Thr 35	Ser	Arg	Ser	Leu	Pro 40	Arg	His	Arg	Gly	Arg 45	Pro	Arg	Ser	
Pro	Trp 50	Ala	Ile	Gly	Gly	Pro 55	Ser	Trp	Ser	Ser						

```
<210> 478
<211> 594
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 41447 right: 43228 frame: -3 size(aa): 594
```

<400> 478

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

Leu Gly Arg Pro Ala Pro Gln Val Ala Leu Gly His Pro Ala Val Pro
 210 215 220
 Glu Pro Leu Leu Asp Val Ala Ala Gly Val Asp Val Gln Glu His Arg
 225 230 235 240
 Pro Gly His Leu Arg Glu Leu Ala Leu Gly Glu Leu Gly Arg Gln Gly
 245 250 255
 Gly Val Ala Val Gly Gly Pro Val Pro Val Pro Ala Cys Val Val Gly
 260 265 270
 Glu Arg Gln Glu Gly Gly Leu Leu Val Gly Gly Glu Leu Gly Pro Val
 275 280 285
 Gly Asp Gly Leu Gly Gln Gly Arg Leu Val Leu Leu Asp Pro Gly Ala
 290 295 300
 Gln His Leu Val Gly Leu Arg Cys Gly Asp Arg Val Ala Leu Ala Asp
 305 310 315 320
 Arg Pro Ala Val Gly His Pro Gly Ala Ala Pro Ala Asp Arg Pro Gly
 325 330 335
 Ile Ala Leu Gly Ala Gly Val Gly Ile Gly Leu Glu Leu Ala Pro Leu
 340 345 350
 Glu Gln Leu Asp Gln Gly Gln Gly Pro Ile His Arg Phe Arg Gly Val
 355 360 365
 Gly Leu Ala Val Ala Ala Gly Pro Gly Gly Val Leu Val Glu His Leu
 370 375 380
 Leu Gly Gly His Pro Leu Gly Asp Gly Val Lys Gln His Arg Gly Thr
 385 390 395 400
 Gly Asp Leu Val Gly Leu Pro Leu Glu Glu Pro Glu Pro Val Glu Glu
 405 410 415
 Pro Ala Leu Arg His Arg Pro Arg His Arg Ser Ala Pro Gln Leu Gly
 420 425 430
 Asp Leu Val Ala Gln Gly Leu Gln Val Leu Thr Asp Gly Leu Asp Leu
 435 440 445
 Leu Val Leu Ala Ala Gln Gly Ala Gly His Gly Asp Gln Leu Gly Glu
 450 455 460
 Arg Leu Gln Asp Ala Val Glu Pro Leu Glu Pro Ala Thr Gln Glu Gly
 465 470 475 480
 Gln Glu Leu Val Glu Gly Glu Gln His Gln Glu Asp His Ala Gln Gly
 485 490 495
 Val Glu Ala Ala Asp Ile Gly Thr Gly Arg Gly Gly Glu Arg Ala Asp
 500 505 510
 Leu Leu Asp Gln Gly Leu Glu Arg His Cys Gly Val Gly Val Gly Ile
 515 520 525

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

331/359

Cys Arg Gly Met Pro Val Cys Ser Ala Met Ser Arg Ser Trp Ser Arg
 530 535 540

Ser Ser Ala Val Arg Thr Ala Ala Cys Ser Ser Trp Ser Thr Pro Asp
 545 550 555 560

Cys Arg Pro Ala Arg Leu Gly Arg Pro Pro Ala Pro Asn Thr Arg Ala
 565 570 575

Pro Glu Met Ala Val Lys Ala Val Phe Thr Gly Ser Asp Cys Ala Asp
 580 585 590

Trp Ala

<210> 479

<211> 161

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41488 right: 41970 frame: -2 size(aa): 161

<400> 479

Asp Ile Gly Arg Val Ile Ala Gln Arg Pro Ser Leu Glu Ile Trp Ser
 1 5 10 15

Arg Arg Asp Ser Arg Ser Leu Arg Met Ala Ser Ile Cys Ser Ser Ser
 20 25 30

Arg Arg Arg Gly Arg Ala Met Ala Thr Ser Trp Val Asn Asp Cys Arg
 35 40 45

Thr Pro Leu Asn Arg Leu Asn Arg Pro Pro Arg Lys Gly Arg Ser Ser
 50 55 60

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

Pro Thr Ser Ala Pro Val Gly Ala Gly Ser Gly Leu Ile Cys Trp Thr
 85 90 95

Arg Asp Trp Ser Val Ile Ala Gly Trp Gly Trp Gly Ser Ala Gly Gly
 100 105 110

Cys Arg Ser Ala Arg Arg Cys Arg Ala Ala Gly Pro Gly Leu Arg Arg
 115 120 125

Ser Gly Pro Gln Pro Ala Ala Ala Gly Gln His Pro Thr Val Gly Arg
 130 135 140

Pro Gly Trp Gly Ala Pro Arg Arg Pro Thr Pro Gly Pro Pro Arg Trp
 145 150 155 160

Arg

<210> 480

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

332/359

<211> 129
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 41561 right: 41947 frame: 3 size(aa): 129

<400> 480

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

Arg

<210> 481
 <211> 105
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 41587 right: 41901 frame: 2 size(aa): 105

<400> 481

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

333/359

Arg Ala Pro Ala Leu Pro Gly Trp Pro Val Gln Ala Val Gln Arg Arg
65 70 75 80

Pro Ala Val Val His Pro Ala Gly Arg His Gly Pro Pro Pro Ala Pro
85 90 95

Arg Gly Arg Ala Asp Arg Gly His Pro
100 105

<210> 482

<211> 95

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41670 right: 41954 frame: 1 size(aa): 95

<400> 482

Arg Ser Asn Pro Trp Ser Asn Arg Ser Ala Arg Ser Pro Pro Arg Pro
1 5 10 15

Val Pro Met Ser Ala Ala Ser Thr Pro Trp Ala Trp Ser Ser Trp Cys
20 25 30

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

Gly Ser Thr Ala Ser Cys Ser Arg Ser Pro Ser Trp Ser Pro Trp Pro
50 55 60

Ala Pro Cys Ala Ala Arg Thr Ser Arg Ser Arg Pro Ser Val Arg Thr
65 70 75 80

Trp Ser Pro Cys Ala Thr Arg Ser Pro Ser Trp Gly Ala Glu Arg
85 90 95

<210> 483

<211> 115

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41841 right: 42185 frame: -1 size(aa): 115

<400> 483

Ala Arg Ala Pro Arg Thr Ala Gly Ser Gly Ala Gly Pro Asp Pro Pro
1 5 10 15

Ile Ser Arg Cys Trp Ala Gly Cys Ser Gly Gly Pro Arg Gly Arg Pro
20 25 30

Arg Arg Ala Pro Ala Arg Arg Ala Pro Pro Gly Arg Trp Arg Gln Thr
35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

334/359

Ala Ser Arg His Arg Arg Pro Gly Gly Ala Pro Pro Arg Arg Thr Gly
 50 55 60

Thr Gly Arg Gly Thr Gly Phe Glu Thr Ser Ala Ala Ser Ser Leu Ser
 65 70 75 80

Ala Pro Ala Trp Arg Ser Gly Arg Ala Gly Thr Pro Gly Pro Tyr Gly
 85 90 95

Trp Pro Arg Ser Ala Arg Pro Arg Gly Ala Gly Gly Gly Pro Trp Arg
 100 105 110

Pro Ala Gly
 115

<210> 484

<211> 381

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41951 right: 43093 frame: 3 size(aa): 381

<400> 484

Ala Met Thr Arg Pro Met Ser Gln Ser Arg Phe Leu Asp Arg Phe Arg
 1 5 10 15

Phe Phe Glu Gly Glu Pro His Gln Val Ser Gly Ala Ser Met Leu Phe
 20 25 30

Asp Ala Ile Ser Gln Gly Val Pro Ala Glu Gln Val Leu Asp Glu Asp
 35 40 45

Ala Pro Trp Ala Arg Arg Tyr Ser Gln Pro Asn Thr Ser Lys Ser Val
 50 55 60

Asp Arg Ala Leu Pro Leu Ile Gln Leu Phe Glu Gly Arg Glu Leu Lys
 65 70 75 80

Ala Tyr Pro Asp Pro Gly Thr Lys Gly Asp Pro Trp Thr Ile Gly Trp
 85 90 95

Gly Ser Thr Arg Met Pro Asp Gly Arg Pro Val Arg Lys Gly Asp Thr
 100 105 110

Val Thr Ala Ala Gln Ala Asp Gln Met Leu Arg Thr Trp Val Glu Gln
 115 120 125

Asp Glu Ala Ala Leu Ala Lys Ala Ile Pro Asn Trp Ala Lys Leu Thr
 130 135 140

Thr Asp Gln Gln Ala Ala Leu Leu Ser Phe Thr Tyr Asn Ala Gly Arg
 145 150 155 160

Asp Trp Tyr Gly Pro Ser Asn Gly Tyr Ala Thr Leu Ser Ala Lys Leu
 165 170 175

Ala Glu Gly Lys Leu Ser Glu Val Pro Arg Ala Met Leu Leu Tyr Val

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

335/359

```

                180                185                190
Asn Pro Gly Ser Asp Val Glu Glu Gly Leu Arg Asn Arg Arg Met Ala
    195                200                205

Glu Gly Asp Leu Trp Gly Arg Pro Pro Gln Ala Gln Lys Pro Arg Leu
    210                215                220

Leu Leu Thr Arg Thr Arg Gln Ile Asp Gly Arg Gly Leu Glu Leu Leu
    225                230                235

Arg Leu Gln Arg Met His Gly Ser Val Ser Lys Gly Asp Leu Leu Thr
    245                250                255

Val Ser Gly Gln Ala Arg Asn Gln Val Phe Arg Thr Gly Ala Ser Ser
    260                265                270

Lys Ser Gly Ser Met Glu Pro Ile Pro Glu Gly Leu Trp Arg Val Glu
    275                280                285

Asn Ile Ala Trp Ala Gly Gly Lys Asp Asn Tyr Asn Ala Ser Trp Gly
    290                295                300

Glu Gly Leu Gly Pro Ala Ser Val Pro Leu Thr Trp Leu Gly Pro Gly
    305                310                315

Lys Thr Gly Arg Ser Ala Ile Glu Ala His Leu Asp Ser Asn Gln Asn
    325                330                335

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

Leu Gln Thr Phe Ile Gly Trp Leu Arg Ala Asp Asp Pro Arg Glu Leu
    355                360                365

Thr Val Asp Trp Gly Leu Gly Thr Val Pro Lys Arg Pro
    370                375                380

```

<210> 485

<211> 67

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 41958 right: 42158 frame: 1 size(aa): 67

<400> 485

```

Arg Gly Arg Cys Leu Lys Ala Gly Ser Ser Thr Gly Ser Gly Ser Ser
1          5          10          15

Arg Gly Ser Pro Thr Arg Ser Pro Val Pro Arg Cys Cys Leu Thr Pro
20          25          30

Ser Pro Arg Gly Cys Pro Pro Ser Arg Cys Ser Thr Arg Thr Pro Pro
35          40          45

Gly Pro Ala Ala Thr Ala Ser Pro Thr Pro Arg Asn Arg Trp Ile Gly
50          55          60

```


Pro Cys Pro
65

<210> 486

<211> 266

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 42049 right: 42846 frame: 2 size(aa): 266

<400> 486

Arg His Leu Pro Gly Gly Ala Arg Arg Ala Gly Ala Arg Arg Gly Arg
1 5 10 15

Pro Leu Gly Pro Pro Leu Gln Pro Ala Gln His Leu Glu Ile Gly Gly
20 25 30

Ser Gly Pro Ala Pro Asp Pro Ala Val Arg Gly Ala Arg Ala Gln Gly
35 40 45

Leu Ser Arg Pro Arg His Gln Gly Arg Ser Leu Asp Asp Arg Leu Gly
50 55 60

Gln His Pro Asp Ala Arg Arg Pro Ala Gly Pro Gln Gly Arg His Gly
65 70 75 80

His Arg Ser Ala Gly Arg Pro Asp Ala Ala His Leu Gly Arg Ala Gly
85 90 95

Arg Gly Gly Pro Gly Gln Gly His Pro Gln Leu Gly Gln Ala His His
100 105 110

Arg Pro Ala Gly Arg Pro Pro Val Val His Leu Gln Arg Arg Pro Gly
115 120 125

Leu Val Arg Ala Leu Gln Arg Leu Arg His Pro Val Gly Gln Ala Arg
130 135 140

Arg Gly Gln Ala Leu Gly Gly Ala Pro Gly Asp Ala Pro Val Arg Gln
145 150 155 160

Pro Arg Gln Arg Arg Arg Gly Gly Ala Pro Glu Pro Pro Asp Gly Arg
165 170 175

Gly Arg Pro Val Gly Pro Ala Ala Pro Gly Pro Glu Ala Gln Thr Pro
180 185 190

Pro Asp Pro His Pro Ala Asp Arg Arg Pro Gly Pro Arg Ala Pro Ala
195 200 205

Pro Pro Ala Asp Ala Arg Gln Arg Leu Gln Gly Arg Ser Pro Asp Arg
210 215 220

Gln Arg Pro Gly Pro Glu Pro Gly Leu Pro His Arg Gly Gln Gln Gln
225 230 235 240

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

337/359

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

His Arg Leu Gly Arg Arg Gln Arg Gln Leu
 260 265

<210> 487

<211> 155

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 42162 right: 42626 frame: 1 size(aa): 155

<400> 487

Ser Ser Cys Ser Arg Gly Ala Ser Ser Arg Pro Ile Pro Thr Pro Ala
 1 5 10 15

Pro Arg Ala Ile Pro Gly Arg Ser Ala Gly Ala Ala Pro Gly Cys Pro
 20 25 30

Thr Ala Gly Arg Ser Ala Arg Ala Thr Arg Ser Pro Gln Arg Arg Pro
 35 40 45

Thr Arg Cys Cys Ala Pro Gly Ser Ser Arg Thr Arg Arg Pro Trp Pro
 50 55 60

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

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

Thr Ala Thr Pro Pro Cys Arg Pro Ser Ser Pro Arg Ala Ser Ser Arg
 100 105 110

Arg Cys Pro Gly Arg Cys Ser Cys Thr Ser Thr Pro Ala Ala Thr Ser
 115 120 125

Arg Arg Gly Ser Gly Thr Ala Gly Trp Pro Arg Ala Thr Cys Gly Ala
 130 135 140

Gly Arg Pro Arg Pro Arg Ser Pro Asp Ser Ser
 145 150 155

<210> 488

<211> 73

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 42196 right: 42414 frame: -2 size(aa): 73

<400> 488

Val Asn Asp Arg Arg Ala Ala Cys Trp Ser Val Val Ser Leu Ala Gln

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

338/359

1 5 10 15
 Leu Gly Met Ala Leu Ala Arg Ala Ala Ser Ser Cys Ser Thr Gln Val
 20 25 30
 Arg Ser Ile Trp Ser Ala Cys Ala Ala Val Thr Val Ser Pro Leu Arg
 35 40 45
 Thr Gly Arg Pro Ser Gly Ile Arg Val Leu Pro Gln Pro Ile Val Gln
 50 55 60
 Gly Ser Pro Leu Val Pro Gly Ser Gly
 65 70

<210> 489
 <211> 129
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 42457 right: 42843 frame: -2 size(aa): 129

<400> 489

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

Ala

<210> 490
 <211> 64
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 42528 right: 42719 frame: -1 size(aa): 64

<400> 490

Arg Ser Gly Asp Arg Pro Trp Arg Arg Cys Arg Ala Ser Ala Gly Gly
 1 5 10 15
 Ala Gly Ala Arg Gly Pro Gly Arg Arg Ser Ala Gly Cys Gly Ser Gly
 20 25 30
 Gly Val Trp Ala Ser Gly Pro Gly Ala Ala Gly Pro Thr Gly Arg Pro
 35 40 45
 Arg Pro Ser Gly Gly Ser Gly Ala Pro Pro Arg Arg Arg Cys Arg Gly
 50 55 60

<210> 491

<211> 132

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 42717 right: 43112 frame: 1 size(aa): 132

<400> 491

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

<210> 492

<211> 56

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

340/359

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 42723 right: 42890 frame: -1 size(aa): 56

<400> 492

Ala Ala Pro Thr Arg Gly Pro Gly Pro Arg Pro Ser Trp Arg Tyr Ser
1 5 10 15

Cys Leu Cys Arg Arg Pro Arg Arg Cys Ser Arg Arg Ala Arg Ala Pro
20 25 30

Pro Gly Ser Ala Pro Cys Cys Arg Ser Cys Cys Trp Pro Arg Cys Gly
35 40 45

Arg Pro Gly Ser Gly Pro Gly Arg
50 55

<210> 493

<211> 51

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 42940 right: 43092 frame: -2 size(aa): 51

<400> 493

Gly Arg Leu Gly Thr Val Pro Arg Pro Gln Ser Thr Val Ser Ser Arg
1 5 10 15

Gly Ser Ser Ala Arg Ser Gln Pro Met Asn Val Trp Arg Ser Ala Arg
20 25 30

Asp Arg Lys Pro Met Gln Pro Ala Val Pro Gly Asn Thr Phe Trp Leu
35 40 45

Leu Ser Arg
50

<210> 494

<211> 110

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43097 right: 43426 frame: 3 size(aa): 110

<400> 494

Arg Pro Arg Pro Phe Val Asn Arg Pro Ala Trp Phe Ser Ala Ile Leu
1 5 10 15

Leu Thr Met Leu Ala Ala Leu Met Thr Ala His Ile Leu Val Ile His
20 25 30

Val Asp Val Ala Ser Cys Gln Ser His Lys Arg Tyr Leu Leu Glu Gln

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

341/359

35	40	45
Arg Arg Thr Gly Ser Leu Pro Gln Glu Leu Arg Asn Val Pro Asp Leu		
50	55	60
Val Glu Ala Glu Cys Ala Asp Leu Glu Gly Lys Phe Arg Ser Val Val		
65	70	75
Asp Gln Trp Val Ser Val Ile Leu Ser Leu Leu Gly Gly Ala Gly Val		
	85	90
Ala Ala Ala Met Gly Lys Pro Pro Thr Asp Gln Pro Gly Arg		
	100	105
		110

<210> 495

<211> 172

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43120 right: 43635 frame: 2 size(aa): 172

<400> 495

Thr Gly Leu Val Leu Arg His Pro Ala Asp His Ala Gly Gly Pro Asp		
1	5	10
Asp Gly Ala His Pro Arg Tyr Pro Arg Arg Cys Arg Gln Leu Ser Glu		
	20	25
Pro Gln Ala Val Pro Thr Arg Ala Ala Pro His Arg Gln Pro Ala Pro		
	35	40
Gly Ala Pro Glu Arg Ala Arg Pro Gly Gly Gly Gly Met Arg Arg Pro		
	50	55
Gly Gly Gln Val Ser Glu Arg Arg Gly Pro Val Gly Val Gly Asp Leu		
65	70	75
Glu Ser Ala Arg Trp Arg Gly Gly Arg Arg Gly His Gly Gln Thr Ala		
	85	90
Asp Gly Ser Ala Gly Ala Leu Thr Pro Asp Ala His Gln Gly Ser His		
	100	105
Gln Ala Glu Arg Gln Tyr Glu Arg Gly Glu Asp His Gly Thr Ser Gly		
	115	120
Gly Ile Val Gly His Ala Arg Ala Arg Glu Arg Arg Arg Cys Arg Leu		
	130	135
Pro Ser Gly Thr Gln Pro Ser Gly Pro Met Pro Ser Ser Leu Thr Gly		
145	150	155
Thr His Thr Thr Pro Gly Arg Arg Trp Gln Asp Pro		
	165	170

<210> 496

<211> 61

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

342/359

<212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 43170 right: 43352 frame: 1 size(aa): 61

<400> 496

Arg	Arg	Thr	Ser	Ser	Leu	Ser	Thr	Ser	Met	Ser	Pro	Ala	Val	Arg	Ala
1				5					10					15	
Thr	Ser	Gly	Thr	Tyr	Ser	Ser	Ser	Ala	Ala	Pro	Ala	Ala	Cys	Pro	Arg
			20					25					30		
Ser	Ser	Gly	Thr	Cys	Pro	Thr	Trp	Trp	Arg	Arg	Asn	Ala	Pro	Thr	Trp
		35					40					45			
Arg	Ala	Ser	Phe	Gly	Ala	Ser	Trp	Thr	Ser	Gly	Cys	Arg			
	50					55					60				

<210> 497
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 43188 right: 43439 frame: -1 size(aa): 84

<400> 497

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

<210> 498
 <211> 67
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 43213 right: 43413 frame: -2 size(aa): 67

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

343/359

<400> 498

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

Arg Leu Lys Ile Thr Asp Thr His Trp Ser Thr Thr Leu Arg Asn Leu
 20 25 30

Pro Ser Arg Ser Ala His Ser Ala Ser Thr Arg Ser Gly Thr Phe Arg
 35 40 45

Ser Ser Trp Gly Arg Leu Pro Val Arg Arg Cys Ser Ser Arg Tyr Arg
 50 55 60

Leu Trp Leu
 65

<210> 499

<211> 88

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43213 right: 43413 frame: -2 size(aa): 67

<400> 499

Ser His Gly Leu Arg Leu Ala Arg Thr Val Ser Arg Pro Asp Gly Cys
 1 5 10 15

Pro Gly Glu His Leu Gly Ser Thr Pro Arg Leu Ile Arg Arg Arg Phe
 20 25 30

Ala His Gly Arg Gly Asp Pro Arg Ala Thr Glu Gln Thr Gln Asp His
 35 40 45

Arg His Pro Leu Val His Asp Ala Pro Lys Leu Ala Leu Gln Val Gly
 50 55 60

Ala Phe Arg Leu His Gln Val Gly His Val Pro Glu Leu Leu Gly Gln
 65 70 75 80

Ala Ala Gly Ala Ala Leu Leu Glu
 85

<210> 500

<211> 58

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43417 right: 43590 frame: -2 size(aa): 58

<400> 500

Ala Ala Trp His Gly Ala Arg Trp Leu Gly Ser Thr Gly Glu Ala Ala

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

344/359

1 5 10 15
 Pro Ser Pro Leu Ser Gly Ser Arg Met Ser Tyr Asp Pro Ala Ala Ser
 20 25 30
 Pro Met Val Phe Ala Ser Leu Val Leu Ser Leu Gly Leu Met Ala Ala
 35 40 45
 Leu Val Ser Ile Trp Gly Gln Arg Pro Gly
 50 55

<210> 501
 <211> 59
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 43458 right: 43634 frame: -1 size(aa): 59

<400> 501

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

<210> 502
 <211> 111
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 43499 right: 43831 frame: -3 size(aa): 111

<400> 502

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

345/359

Ser Cys Leu Ala Trp Gly Pro Met Ala Gly Phe His Trp Gly Gly Gly
 85 90 95

Thr Phe Ala Ala Leu Trp Leu Ala His Val Leu Arg Ser Arg Arg
 100 105 110

<210> 503

<211> 111

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43500 right: 43832 frame: 1 size(aa): 111

<400> 503

Arg Arg Asp Arg Arg Thr Cys Ala Ser Gln Arg Ala Ala Lys Val Pro
 1 5 10 15

Pro Pro Gln Trp Asn Pro Ala Ile Gly Pro His Ala Lys Gln Leu Asn
 20 25 30

Arg Asn Thr His Asn Thr Arg Thr Glu Val Ala Gly Ser Leu Ser Val
 35 40 45

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

Gln Glu Gln Gln Val Leu Asp Val Ala Gly Gly Val Pro Val Pro Leu
 65 70 75 80

Gly Gly Val Arg Glu Leu Asp Ser Pro Gly Gly Leu Glu Val Gly Asp
 85 90 95

Val Pro Asp Gly Gln Val Val Gly Asp Arg Ala Ile Gly Glu Leu
 100 105 110

<210> 504

<211> 175

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43594 right: 44118 frame: -2 size(aa): 175

<400> 504

Ala Trp Pro Pro Ile Ser Arg Thr Lys Ala Thr Arg Pro Pro Thr Pro
 1 5 10 15

Ser Lys Pro Pro Pro Ser Ser Leu Pro Pro Asp Asp His Pro Pro Gln
 20 25 30

Ser Pro Ala Pro Asp Asp Pro Pro Arg His Gln Arg Arg Ala Pro His
 35 40 45

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

346/359

Val Pro Gly Ala Leu Arg Pro Ser Leu Arg Pro Val Pro Pro Ala His
 50 55 60

Gln Val Gly Pro Gly Pro Gly Pro Ala Leu Val Glu Pro Glu Ala Pro
 65 70 75 80

Ser Gly Arg Pro Arg Asp Val Pro Glu Pro Gly Gly Arg Arg Ala Arg
 85 90 95

Ala Pro Gln Trp Pro Asp His Leu Pro Pro Ala Arg Pro Val His Pro
 100 105 110

Pro Pro Gln Gly Arg Arg Gly Cys Arg Ala Leu Glu Arg Pro Pro Val
 115 120 125

Glu Arg Ala His His Gln Arg Arg Arg Gly Pro Ala Ala Pro Gly Arg
 130 135 140

Gln Arg Arg Arg Pro Pro Gly Gly Gly Gly Cys Thr Cys Val Thr Arg
 145 150 155 160

Leu Arg Ile Leu Pro Pro Pro Ser Trp Cys Cys Val Cys Ser Cys
 165 170 175

<210> 505

<211> 56

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43639 right: 43806 frame: 2 size(aa): 56

<400> 505

Ala Cys His Ala Gly Ala Ser Ala Ala Ser Arg Gly Ser Pro Ser Leu
 1 5 10 15

Thr Ala Arg Ser Ser Arg Ser Ser Thr Ser Leu Val Val Cys Pro Phe
 20 25 30

His Trp Gly Ala Phe Glu Ser Ser Thr Ala Pro Ala Ala Leu Arg Trp
 35 40 45

Gly Met Tyr Arg Thr Gly Arg Trp
 50 55

<210> 506

<211> 329

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43647 right: 44633 frame: -1 size(aa): 329

<400> 506

Pro Ala Arg Pro Gly Ala Val Pro Pro Gly Ala Gly Cys Pro Arg Pro

347/359

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

348/359

<210> 507
 <211> 67
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 43835 right: 44035 frame: -3 size(aa): 67

<400> 507

Pro Pro Pro Ala Lys Pro Cys Ser Arg Arg Pro Ala Pro Thr Pro Ala
 1 5 10 15
 Thr Gly Thr Thr Arg Ser Gly Ser Ser Thr Pro Ile Ala Thr Pro Cys
 20 25 30
 Ser Ser Cys Ser Ser Ser Gly Pro Arg Ser Arg Pro Ser Pro Gly Gly
 35 40 45
 Ala Gly Ser Thr Ile Trp Pro Ala Gln Arg Cys Thr Arg Thr Arg Trp
 50 55 60
 Ser Pro Gly
 65

<210> 508
 <211> 84
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 43836 right: 44087 frame: 1 size(aa): 84

<400> 508

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

<210> 509
 <211> 142
 <212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 43931 right: 44356 frame: 3 size(aa): 142

<400> 509

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

<210> 510

<211> 81

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 44039 right: 44281 frame: -3 size(aa): 81

<400> 510

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

65 70 75 80

Arg

```
<210> 511
<211> 83
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 44122 right: 44370 frame: -2 size(aa): 83
```

<400> 511

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

Ile Leu Arg

```
<210> 512
<211> 179
<212> PRT
<213> Cyanophage S-2L

<220>
<221> misc_feature
<223> New ORF = left: 44142 right: 44678 frame: 1 size(aa): 179
```

<400> 512

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

351/359

Arg Arg Ser Gly Gly Met Arg Ala Gly Asp Gly Cys Ala Gly Arg Arg
 85 90 95

Gly Gly Pro Gln Arg Gly Pro Gly Pro Gln Arg Ala Pro Gly Arg Pro
 100 105 110

Gly Gly Gly Leu His Trp Ala Ala Gly Ala Leu Gly Arg Pro Ala Gly
 115 120 125

Pro Gly Ala Thr Pro Gly Ala Pro Gly Ala His Arg Ser Pro Ser Arg
 130 135 140

Trp Thr Trp Pro Trp Pro Gly Ala Ala Ser Pro Gly Gly His Arg Pro
 145 150 155 160

Arg Thr Gly Arg Ser Ser Gly Ser Arg Pro Gly Pro Arg Ala Thr Thr
 165 170 175

Ala Pro Gly

<210> 513

<211> 181

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 44285 right: 44827 frame: -3 size(aa): 181

<400> 513

Arg Leu His Pro Arg Pro Gly Ala Pro Arg Leu Ala Trp Ala Ala Ala
 1 5 10 15

Arg Gln Pro Gly Gly Leu Ala Asp Pro Ala Gln Gly Leu Arg Pro Ala
 20 25 30

Pro Arg Arg His Pro Leu Arg Gly Pro Leu Ala Arg Gly Pro Gly Arg
 35 40 45

Leu His Pro Gly Ala Val Val Ala Arg Gly Pro Gly Arg Leu Pro Asp
 50 55 60

Asp Arg Pro Val Leu Gly Arg Cys Pro Pro Gly Leu Ala Ala Pro Gly
 65 70 75 80

His Gly His Val His Leu Glu Gly Leu Arg Cys Ala Pro Gly Ala Pro
 85 90 95

Gly Val Ala Pro Gly Pro Ala Gly Arg Pro Ser Ala Pro Ala Ala Gln
 100 105 110

Trp Arg Pro Pro Pro Gly Arg Pro Gly Ala Arg Cys Gly Pro Gly Pro
 115 120 125

Arg Cys Gly Pro Pro Leu Arg Pro Ala His Pro Ser Pro Ala Leu Ile
 130 135 140

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

352/359

Pro Pro Leu Arg Leu Pro Cys Leu Thr Ala Pro Ile Ser Pro Pro Pro
 145 150 155 160

Arg Cys Trp Ala Ser Lys Pro Pro Ser Asn Ala Pro Gly Arg Ile Cys
 165 170 175

Ala Ser Ser Ala Pro
 180

<210> 514
 <211> 127
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 44360 right: 44740 frame: 3 size(aa): 127

<400> 514

Asn Gly Gly Ser Gln Ala Trp Glu Ala Glu Arg Trp Asp Glu Ser Arg
 1 5 10 15

Arg Arg Met Arg Arg Ala Gln Arg Arg Ala Ala Ala Arg Pro Gly Ala
 20 25 30

Ala Ala Gly Pro Gly Thr Pro Gly Arg Trp Pro Pro Leu Gly Gly Trp
 35 40 45

Gly Ala Gly Pro Ser Gly Arg Pro Arg Gly His Ser Gly Gly Ala Gly
 50 55 60

Gly Ala Ser Glu Pro Leu Gln Val Asp Met Ala Val Ala Gly Gly Ser
 65 70 75 80

Gln Pro Arg Gly Ala Pro Pro Gln Asp Gly Pro Val Ile Arg Lys Pro
 85 90 95

Thr Gly Ala Pro Arg His Asp Gly Thr Gly Met Lys Pro Thr Gly Ala
 100 105 110

Pro Arg Gln Gly Pro Pro Glu Gly Val Pro Pro Arg Gly Gly Ser
 115 120 125

<210> 515
 <211> 227
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

<220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 44374 right: 45054 frame: -2 size(aa): 227

<400> 515

Thr Thr Pro Pro Arg Pro Gly Pro Lys Pro Arg Ala Ala His Ala Leu
 1 5 10 15

Arg Leu Leu Gly Asp Arg Gly Arg Pro Pro Arg Arg Arg Pro Leu His

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

353/359

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

Ser His Ala
225

<210> 516

<211> 171

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 44401 right: 44913 frame: 2 size(aa): 171

<400> 516

Glu	Pro	Ala	Thr	Asp	Ala	Pro	Gly	Ala	Glu	Glu	Gly	Arg	Ser	Glu	Ala		
1				5					10					15			
Arg	Gly	Arg	Ser	Gly	Pro	Arg	Asp	Ala	Arg	Glu	Val	Ala	Ser	Ile	Gly		
			20					25					30				
Arg	Leu	Gly	Arg	Trp	Ala	Val	Arg	Gln	Ala	Gln	Gly	Pro	Leu	Arg	Gly		
		35					40					45					

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

354/359

Arg Arg Gly Arg Ile Gly Ala Pro Pro Gly Gly His Gly Arg Gly Arg
 50 55 60
 Gly Gln Pro Ala Pro Gly Gly Thr Ala Pro Gly Arg Ala Gly His Pro
 65 70 75 80
 Glu Ala Asp Arg Gly Pro Ala Pro Arg Arg His Arg Asp Glu Ala Asp
 85 90 95
 Arg Gly Pro Ala Pro Gly Ala Pro Gly Gly Gly Ala Ala Glu Gly Arg
 100 105 110
 Val Val Gly Pro Gly Arg Gly Leu Pro Asp Arg Arg Ala Val Gly Pro
 115 120 125
 Leu Pro Thr Pro Ala Gly Ala Pro Arg Val Gly Asp Glu Ala Val Arg
 130 135 140
 Trp Gly Val Gly Pro Gly Arg Ser Arg His Gln Gly Gln Gln Glu Gln
 145 150 155 160
 Gln Glu Pro His Ala Ala Ser Cys Met Ala Ala
 165 170

<210> 517

<211> 84

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 44637 right: 44888 frame: -1 size(aa): 84

<400> 517

Gly Ser Cys Cys Ser Cys Trp Pro Trp Cys Arg Leu Arg Pro Gly Pro
 1 5 10 15
 Thr Pro His Leu Thr Ala Ser Ser Pro Thr Arg Gly Ala Pro Ala Gly
 20 25 30
 Val Gly Ser Gly Pro Thr Ala Arg Arg Ser Gly Arg Pro Arg Pro Gly
 35 40 45
 Pro Thr Thr Arg Pro Ser Ala Ala Pro Pro Pro Gly Ala Pro Gly Ala
 50 55 60
 Gly Pro Arg Ser Ala Ser Ser Arg Cys Arg Arg Gly Ala Gly Pro Arg
 65 70 75 80
 Ser Ala Ser Gly

<210> 518

<211> 168

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 44744 right: 45247 frame: 3 size(aa): 168

<400> 518

Ala Leu Gly Gly Val Cys Gln Thr Ala Gly Leu Ser Gly Arg Cys Pro
1 5 10 15

Arg Gln Pro Gly Arg Pro Gly Ser Gly Met Lys Pro Ser Gly Gly Ala
20 25 30

Ser Ala Gln Ala Ala Ala Gly Thr Arg Ala Ser Arg Ser Ser Arg Ser
35 40 45

Leu Met Arg Pro Pro Val Trp Arg Arg Arg Ser Pro Gly Gly Gly Arg
50 55 60

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

Arg Pro Arg Ser Pro Ser Arg Arg Arg Ala Cys Ala Ala Arg Gly Phe
85 90 95

Gly Pro Gly Arg Gly Gly Val Val His Trp Gly Thr Pro Trp Val Glu
100 105 110

Val Gly Ser Gln Pro Pro Cys Pro Ser Thr Arg Ser Thr Arg Arg Cys
115 120 125

Pro Asp Arg Ala Cys Gly Trp Arg Gly Ser Pro Ser Ser Cys Ala Gly
130 135 140

His Leu Ile Ile Asn Asn Gln Ser Ile Trp Glu Asp Lys Ser Ile Phe
145 150 155 160

Gly Phe Ser Pro Cys Asn Pro Val
165

<210> 519

<211> 120

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 44823 right: 45182 frame: 1 size(aa): 120

<400> 519

Ser Arg Gln Val Gly Arg Arg Pro Arg Pro Gln Pro Ala Pro Gly Pro
1 5 10 15

Ala Gly Ala Ala Gly Ala Ser Cys Gly Leu Leu Tyr Gly Gly Val Asp
20 25 30

Leu Pro Glu Ala Val Ala Gly Leu Ala Asp Leu Leu Arg Gly Ala Gly
35 40 45

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

356/359

50 55 60
 Val Arg Leu Glu Ala Ser Gly Arg Val Glu Gly Ala Ser Phe Thr Gly
 65 70 75 80
 Ala Pro Pro Gly Ser Arg Trp Ala Pro Ser Arg Arg Ala Pro Ala Pro
 85 90 95
 Asp Pro Pro Gly Asp Ala Gln Ile Glu Leu Ala Ala Gly Glu Asp Leu
 100 105 110
 Leu Pro Leu Val Leu Ala Thr Ser
 115 120

 <210> 520
 <211> 128
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 44831 right: 45214 frame: -3 size(aa): 128

 <400> 520

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

 <210> 521
 <211> 96
 <212> PRT
 <213> Cyanophage S-2L

 <220>
 <221> misc_feature
 <223> New ORF = left: 44892 right: 45179 frame: -1 size(aa): 96

 <400> 521

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

357/359

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

<210> 522

<211> 59

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 44892 right: 45179 frame: -1 size(aa): 96

<400> 522

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

<210> 523

<211> 63

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 45058 right: 45246 frame: -2 size(aa): 63

<400> 523

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

WO 03/093461

PCT/FR03/01328

358/359

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

Gly His Gly Gly Trp Glu Pro Thr Ser Thr Gln Gly Val Pro Gln
 50 55 60

<210> 524

<211> 79

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 45189 right: 45425 frame: -1 size(aa): 79

<400> 524

Asn Tyr Leu Phe Phe Val Lys Val Gly Leu Val Asn Pro Glu Lys Pro
 1 5 10 15

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

Pro Ile Leu Gly Asn Leu Lys Leu Tyr His Ser Phe Leu Glu Thr Phe
 35 40 45

Arg Leu Leu Lys Lys Gly Val Tyr Ser Gly Val Lys Arg Asp Tyr Lys
 50 55 60

Val Lys Thr Arg Lys Leu Ile Cys Leu Pro Lys Trp Ile Gly Cys
 65 70 75

<210> 525

<211> 60

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 45241 right: 45420 frame: 2 size(aa): 60

<400> 525

Ser Arg Leu Thr Pro Glu Tyr Thr Pro Phe Phe Asn Ser Leu Lys Val
 1 5 10 15

Ser Lys Lys Glu Trp Tyr Asn Phe Lys Leu Pro Arg Ile Gly Asn Lys
 20 25 30

Ile Thr Asn Cys Ser Ala Lys Gly Leu Pro Ser Glu Gly Ser Gly Phe
 35 40 45

Ser Gly Leu Thr Asn Pro Thr Leu Thr Lys Asn Lys
 50 55 60

<210> 526

<211> 52

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 45250 right: 45405 frame: -2 size(aa): 52

<400> 526

Gly	Trp	Val	Gly	Gln	Pro	Gly	Lys	Thr	Ala	Thr	Leu	Ala	Trp	Lys	Ala
1				5					10					15	

Leu	Ser	Gly	Ala	Ile	Cys	Asn	Phe	Ile	Ser	Asn	Ser	Trp	Gln	Phe	Lys
			20					25					30		

Val	Val	Pro	Phe	Leu	Leu	Gly	Asp	Phe	Gln	Ala	Ile	Glu	Lys	Gly	Gly
		35					40					45			

Val	Leu	Trp	Ser
	50		

<210> 527

<211> 70

<212> PRT

<213> Cyanophage S-2L

<220>

<221> misc_feature

<223> New ORF = left: 45356 right: 45565 frame: -3 size(aa): 70

<400> 527

Lys	Lys	Glu	Val	Gly	Phe	Lys	Gly	Lys	Val	Glu	Val	Gly	Phe	Asn	Glu
1				5					10					15	

Gly	Asn	Tyr	Lys	Lys	Lys	Gly	Ile	Tyr	Arg	Val	Leu	Asn	Glu	Cys	Gln
			20					25					30		

Glu	Ile	Glu	Gly	Ser	Val	Met	Ser	Phe	Phe	Arg	Phe	Gly	Phe	Lys	Ile
		35					40					45			

Ile	Cys	Phe	Leu	Leu	Arg	Leu	Gly	Trp	Ser	Thr	Arg	Lys	Asn	Arg	Tyr
	50					55					60				

Pro	Arg	Leu	Glu	Gly	Pro
65					70

REVENDICATIONS

1. Séquence nucléotidique de cyanophage S-2L caractérisée en ce qu'elle correspond à SEQ ID N° 1.
- 5
2. Séquence nucléotidique de cyanophage S-2L, caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi :
 - a) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 % d'identité avec SEQ ID N° 1 ;
 - 10 b) une séquence nucléotidique hybridant dans des conditions de forte stringence avec SEQ ID N° 1 ;
 - c) une séquence nucléotidique complémentaire de SEQ ID N° 1 ou complémentaire d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), ou b), ou une séquence nucléotidique de l'ARN correspondant ;
 - 15 d) une séquence nucléotidique de fragment représentatif de SEQ ID N° 1, ou de fragment représentatif d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b) ou c);
 - e) une séquence nucléotidique comprenant une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
 - 20 f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence nucléotidique telle que définie en a), b), c), d) ou e).
3. Séquence nucléotidique selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide choisi parmi :
 - 25 a) les polypeptides du cyanophage S-2L de séquences SEQ ID N°2 à SEQ ID N°527 ;
 - b) de préférence les polypeptides de séquence SEQ ID N°14,18,26,68,86,92,105,109,134,142,143,148,152,169,175,187, 208,211, 234,246, 250,257,264,286,298,316,332,342,347,348,351,355,364,365, 369,370,392,395, 406, 418,422,425,429,432,433,454,464,466,472, 484,489,494,500 ;
 - 30 c) de préférence encore les polypeptides de séquence SEQ ID N° 86,92,152,175,

234,257,298,316,395,406,425,484 ;

- d) les polypeptides présentant au moins 80 % de préférence 85 %, 90 %, 95 % et 98 % d'identité avec un polypeptide de a), b) ,c)
- e) les fragments biologiquement actifs des polypeptides de a), b), c), d)
- 5 f) les polypeptides modifiés de a),b),c),d),e).

4. Séquence nucléotidique caractérisée en ce qu'elle comprend une séquence nucléotidique choisie parmi :

- a) une séquence nucléotidique selon la revendication 3 ;
- 10 b) une séquence nucléotidique comportant au moins 80 % d'identité avec une séquence nucléotidique selon la revendication 3 ;
- c) une séquence nucléotidique s'hybridant dans des conditions de forte stringence avec une séquence nucléotidique selon la revendication 3 ;
- d) une séquence nucléotidique complémentaire ou d'ARN correspondant à
- 15 une séquence telle que définie en a), b) ou c) ;
- e) une séquence nucléotidique de fragment représentatif d'une séquence telle que définie en a), b), c) ou d) ; et
- f) une séquence nucléotidique modifiée d'une séquence telle que définie en a), b), c), d) ou e).

20

5. Polypeptide codé par une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4.

6. Polypeptide selon la revendication 5, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les
- 25 peptides de séquence SEQ ID N°2 à 527, de préférence parmi les séquences SEQ ID N°14,18,26,68,86,92,105,109,134,142,143,148,152, 169,175,187, 208,211,234,246,250,257,264,286,298,316,332,342,347,348, 351,355,364,365, 369,370,392,395,406,418,422,425,429,432,433,454,464, 466,472,484,489,494,500.

30

7. Polypeptide selon la revendication 5 ou 6, caractérisé en ce qu'il est choisi parmi les séquences SEQ ID N° 86,92,152,175,234,257,298,316,395,406,425,

484.

8. Polypeptide caractérisé en ce qu'il comprend un polypeptide choisi parmi :
- 5 a) un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7 ;
 - b) un polypeptide présentant au moins 80 % d'identité avec un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7 ;
 - c) un fragment d'au moins 5 acides aminés d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, ou tel que défini en b) ;
 - 10 d) un fragment biologiquement actif d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7, ou tel que défini en b) ou c) ; et
 - e) un polypeptide modifié d'un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 7 ou tel que défini en b), c) ou d).
9. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L impliqué dans la biosynthèse des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides ou pour l'un de ses fragments représentatifs.
10. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de cyanophage S-2L impliqué dans la biosynthèse de bases D ou pour l'un de ses fragments représentatifs.
11. Séquence nucléotidique selon la revendication 10, caractérisée en ce qu'elle
- 25 code pour un peptide de séquence SEQ ID N°175.
12. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans le processus de réplication, ou pour l'un de ses fragments représentatifs, de
- 30 préférence un peptide de séquence SEQ ID N°14,18,142,355,429,454 (activité ADN polymérase, topoisomérase).

13. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans le processus de transcription ou pour l'un de ses fragments représentatifs, de préférence un peptide de séquence SEQ ID N°92,143,187,234 encore de préférence SEQ ID N°92.
14. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide d'enveloppe de Cyanophage S-2L ou l'un de ses fragments représentatifs, de préférence un peptide de séquence SEQ ID N°169,316,351,392,395,406,422,425, notamment un peptide de séquence SEQ ID N°395,406,425.
15. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans le détournement de la machinerie cellulaire ou l'un de ses fragments représentatifs.
16. Séquence nucléotidique selon l'une des revendications 2 à 4, caractérisée en ce qu'elle code pour un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans la virulence ou l'un de ses fragments représentatifs, de préférence un peptide de séquence SEQ ID N°257.
17. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans la biosynthèse des nucléotides, des purines, des pyrimidines ou nucléosides.
18. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans la biosynthèse de bases D, de préférence un peptide de séquence SEQ ID N°175 ou un fragment représentatif.
19. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8, caractérisé en ce qu'il s'agit

d'un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans le processus de réplication, de préférence un peptide de séquence SEQ ID N°14,18,142,355,429,454 ou un fragment représentatif.

- 5 20. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans le processus de transcription, de préférence un peptide de séquence SEQ ID N°92,143,187 ou un fragment représentatif.
- 10 21. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide d'enveloppe de Cyanophage S-2L, de préférence un peptide de séquence SEQ ID N°169,316,351,392,395,406,422,425 ou un fragment représentatif.
- 15 22. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans le métabolisme intermédiaire, ou un fragment représentatif.
- 20 23. Polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un polypeptide de Cyanophage S-2L impliqué dans le processus de détournement de la machinerie cellulaire ou l'un de ses fragments.
- 25 24. Puce à ADN ou filtre, caractérisée en ce qu'elle contient au moins une séquence nucléotidique selon l'une quelconque des revendications 2 à 4.
- 25 25. Vecteur de clonage, et/ou d'expression, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon l'une des revendications à 3 ou 4 ou 9 à 16.
- 30 26. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 25, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 10 ou 11, en particulier codant pour une protéine impliquée dans la synthèse de bases D.

27. Vecteur de clonage, et/ou d'expression selon la revendication 25, caractérisé en ce qu'il contient une séquence nucléotidique selon la revendication 11 ou 12, en particulier codant pour une polymérase capable de polymériser des bases D.
- 5 28. Cellule hôte, caractérisée en ce qu'elle est transformée par un vecteur selon l'une des revendications 25 à 27.
29. Cellule hôte selon la revendication 28, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une bactérie.
- 10 30. Procédé de préparation d'un polypeptide d'intérêt, caractérisé en ce que l'on cultive une cellule transformée par un vecteur selon l'une des revendications 25 à 27 dans des conditions permettant l'expression dudit polypeptide et que l'on récupère ledit polypeptide recombinant.
- 15 31. Procédé selon la revendication 30, caractérisé en ce que le polypeptide d'intérêt est une protéine impliquée dans le métabolisme de bases D, notamment la succinyladénylate synthétase.
- 20 32. Procédé selon la revendication, caractérisé en ce que le polypeptide d'intérêt est une polymérase de cyanophages S-2L, capable de polymériser des bases D.
33. Polypeptide recombinant susceptible d'être obtenu par un procédé selon la revendication 30.
- 25 34. Anticorps monoclonal ou polyclonal, ses fragments, ou anticorps chimérique, caractérisé en ce qu'il est capable de reconnaître spécifiquement un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8 ou 17 à 23.
- 30 35. Anticorps selon la revendication 34, caractérisé en ce qu'il s'agit d'un anticorps marqué.

51

36. Puce à protéine, caractérisée en ce qu'elle contient au moins un polypeptide selon l'une des revendications 5 à 8 ou 17 à 23, ou au moins un anticorps selon l'une des revendications 34 ou 35, immobilisé sur le support de ladite puce.

5

37. Procédé de détection et/ou d'identification du cyanophage S-2L ou d'un phage associé dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il met en œuvre une séquence nucléotidique selon l'une des revendications 3 à 4 ou 9 à 16.

10

38. Procédé d'obtention de bases D et/ou de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D, comportant la culture d'un microorganisme comprenant au moins une séquence nucléotidique de cyanophage S-2L codante pour au moins un polypeptide impliqué dans la synthèse de bases D, dans des conditions appropriées pour le développement du vecteur et la synthèse de bases D et/ou de dits polynucléotides d'intérêt.

15

39. Procédé selon la revendication 38 comportant :

- l'addition à un milieu comprenant les substrats nécessaires à l'obtention de bases D, d'un extrait ou un mélange d'extrait de bactéries recombinantes exprimant au moins un gène de cyanophage S-2L impliqué dans la synthèse de bases D
- le cas échéant l'extraction des polynucléotides d'intérêt.

20

25 40. Procédé selon la revendication 38 comportant :

- la préparation d'au moins une séquence ADN codante pour un polypeptide capable de provoquer chez un microorganisme hôte la synthèse d'au moins une base D
- le clonage de ladite séquence codante dans un vecteur capable d'être transféré dans et de se répliquer dans ledit microorganisme hôte, ce vecteur comprenant les éléments nécessaires à l'expression de ladite séquence codante

30

- le transfert du vecteur comprenant ladite séquence codante dans un microorganisme capable de produire les enzymes de la synthèse de bases D dirigée par ladite séquence codante
 - la culture du microorganisme dans des conditions appropriées pour le développement du vecteur et la synthèse des bases D
 - le cas échéant l'extraction de bases D et/ou de dits polynucléotides d'intérêt.
41. Procédé d'obtention de bases D et/ou de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D ledit procédé comportant :
- l'addition, à un milieu comprenant les substrats nécessaires à l'obtention de bases D, du produit d'expression d'au moins un gène de cyanophage S-2L impliqué dans la synthèse de bases D, de manière à produire des bases D et/ou des polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D
 - l'extraction des bases D et/ou de dits polynucléotides d'intérêt.
42. Procédé d'obtention de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D, ledit procédé comprenant la culture d'un microorganisme contenant au moins une séquence nucléotidique de cyanophage S-2L codante pour au moins un polypeptide impliqué dans l'élongation desdits polynucléotides avec incorporation de bases D, ADN polymérase notamment, dans des conditions appropriées pour le développement du vecteur et l'élongation desdits polynucléotides.
43. Procédé selon l'une quelconque des revendications 38 à 42 caractérisé en ce que le gène impliqué dans la synthèse de bases D est le gène de la succinyladénylate synthétase.
44. Procédé selon l'une quelconque des revendications 38 à 42 caractérisé en ce qu'il comprend une étape d'amplification, en présence de polymérase de cyanophage D et d'amorces appropriées, de polynucléotides comprenant au moins une base D.

45. Procédé de sélection de composés capables de stimuler ou d'inhiber la synthèse de bases D et/ou de polynucléotides d'intérêt comprenant au moins une base D, comprenant l'addition au milieu de synthèse du composé testé et la comparaison de la synthèse en présence et en absence dudit composé.

5

46. Utilisation du cyanophage S-2L pour l'obtention d'ADN polymérase ou d'ARN polymérase impliquées dans le métabolisme des bases D.

47. Utilisation du cyanophage S-2L pour la fabrication de nucléotides d'intérêt non
10 obtenus naturellement comprenant au moins une base D, dDMP et dDTP.

48. Souche de Cyanophage S-2L déposée à la CNCM n° I-2619 caractérisée en ce qu'elle contient au moins une séquence nucléotidique selon la revendication 1 à 4,

15 49. Procédé de production d'une banque génomique de cyanophage S2L caractérisée en ce que le procédé comprend les étapes suivantes :

a) Culture des cyanophages S2L purifié à partir de l'espèce *Synechococcus*,

b) Fragmentation de l'ADN extrait par la technique de sonication,

c) Clonage de la banque Shotgun obtenue dans un vecteur *E.coli*, et

20 d) Séquençage des clones jusqu'à couverture complète du génome.

50. Banque génomique de cyanophage S2L déposée le 24 janvier 2001 à la C.N.C.M. selon les provisions du traité de Budapest, et enregistrées sous le numéro d'accèsion I-2619 obtenue par un procédé selon la revendication 49.

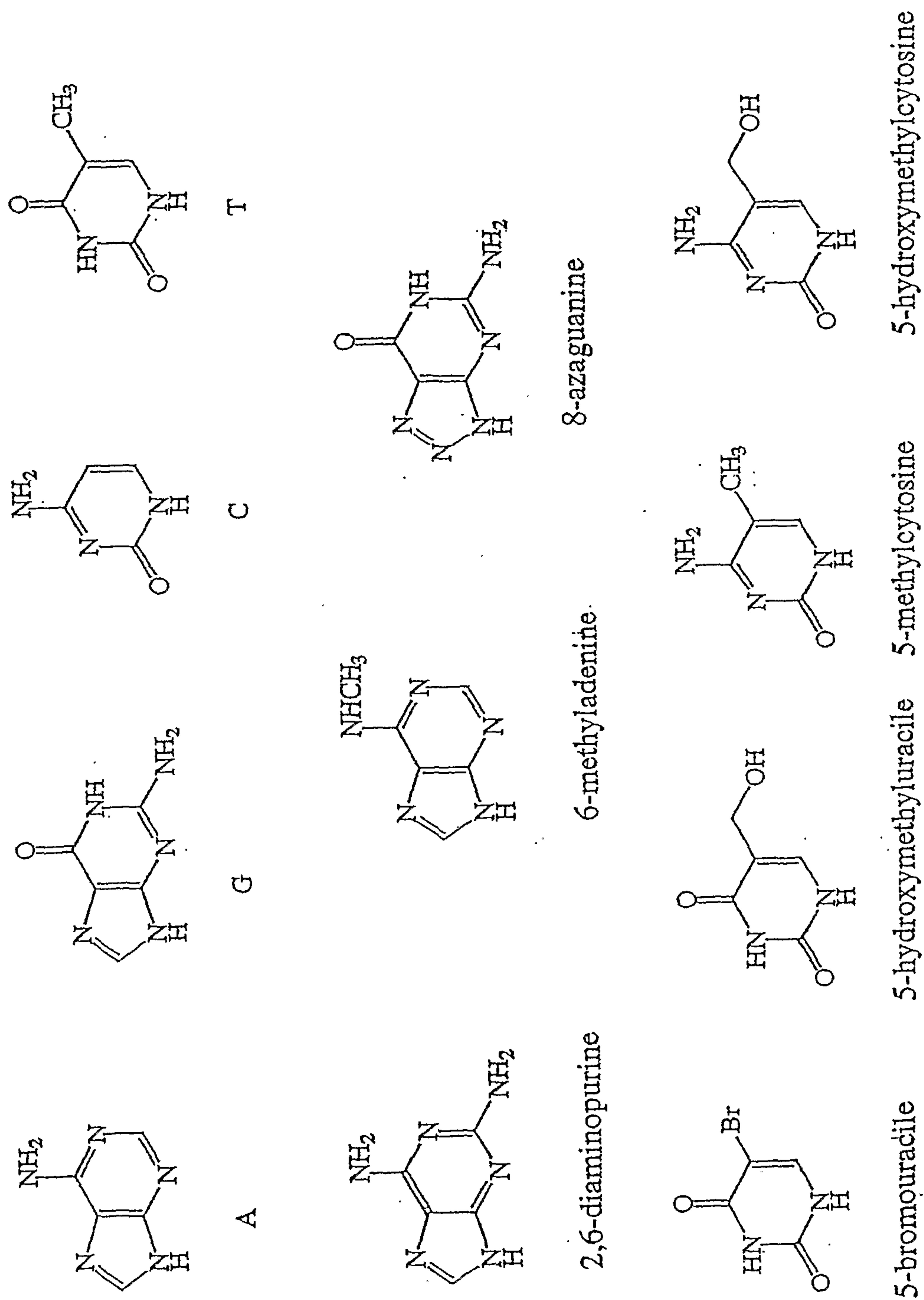
25

51. Plasmides contenus dans des bactéries recombinantes déposées à la C.N.C.M. sous la référence I-2619.

52. Bactéries recombinantes telles que déposées à la C.N.C.M. sous la référence
30 I-2619.

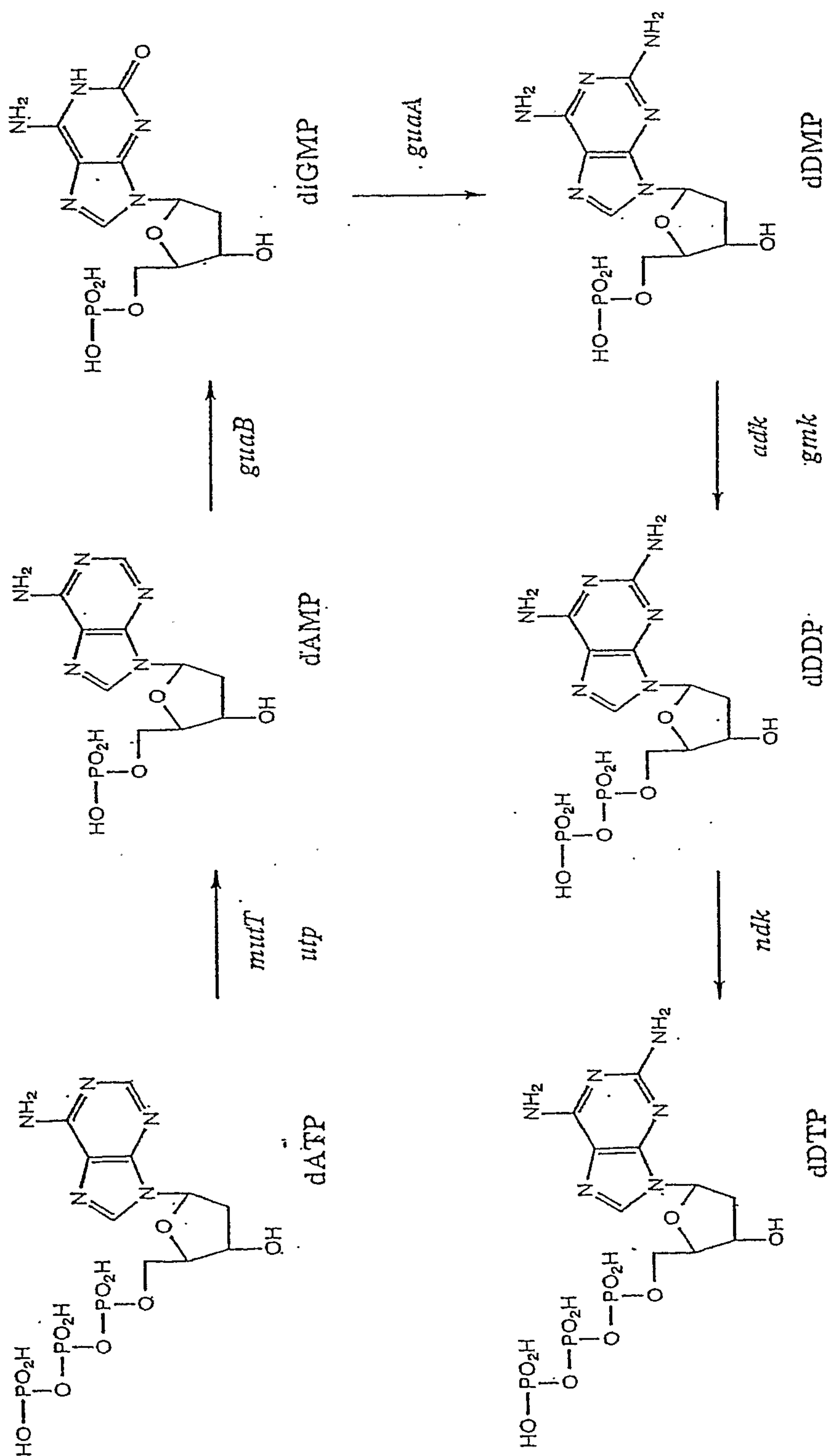
1/5

Figure 1



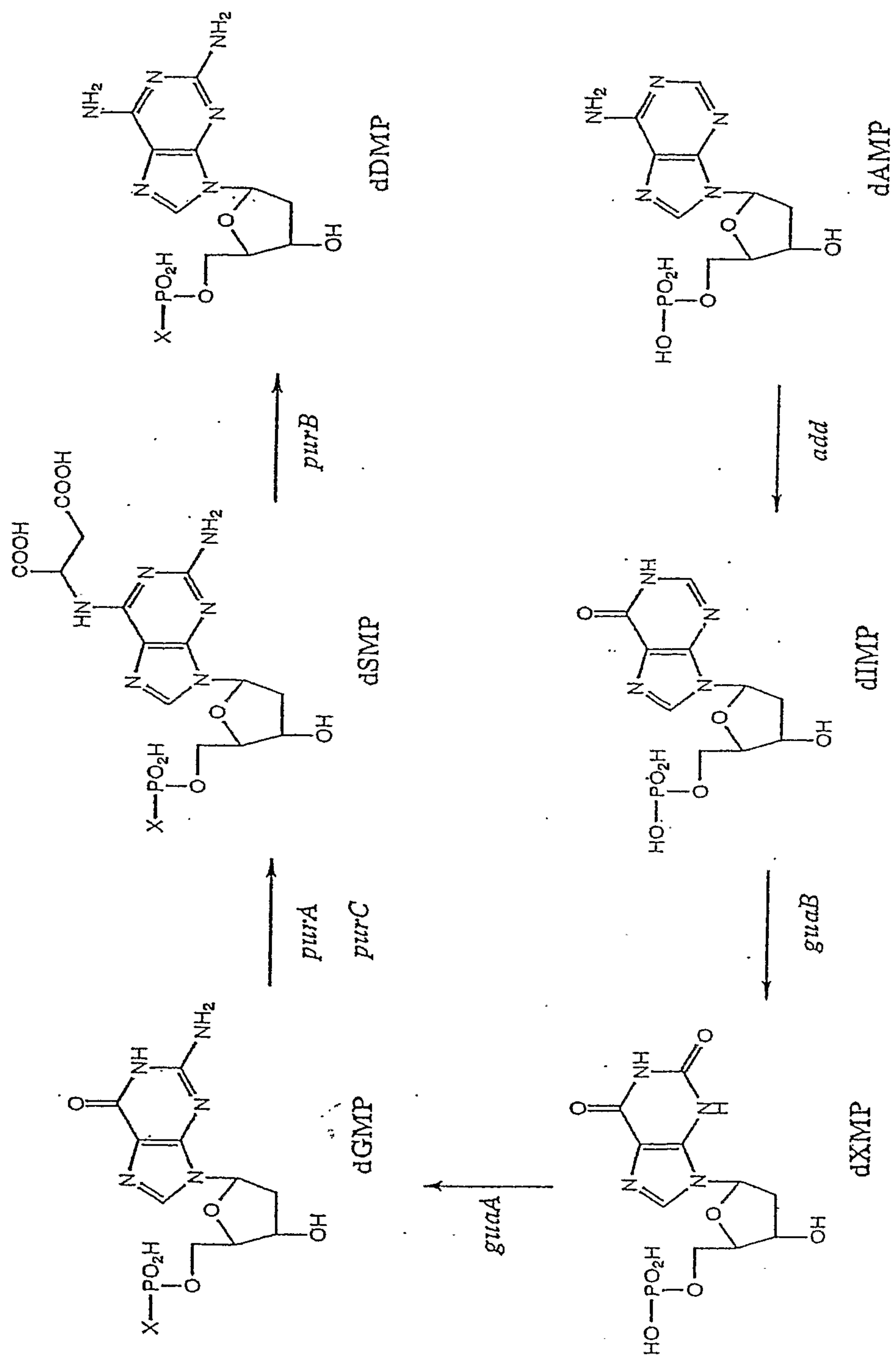
2/5

Figure 2a



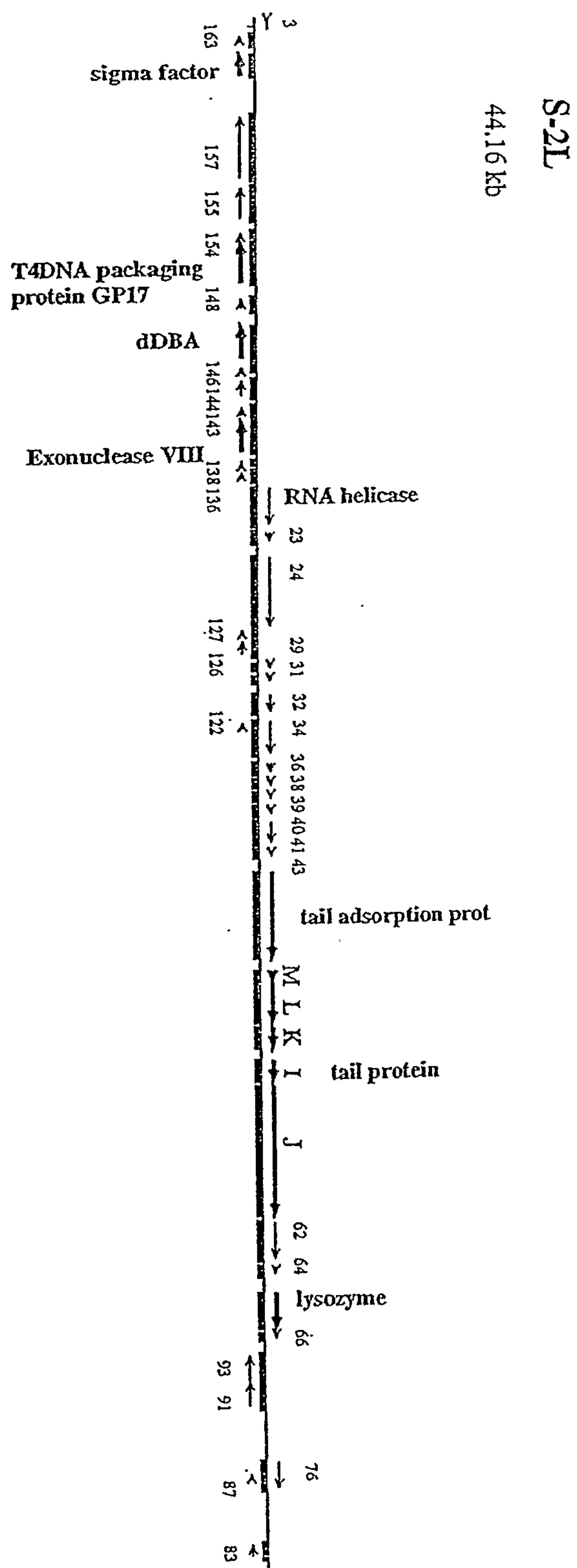
3/5

Figure 2b



4/5

Figure 3



5/5

Figure 4

