

(12)

## Patentschrift

(21) Anmeldenummer: A 8025/2009

(22) Anmeldetag: 18.09.2008

(45) Veröffentlicht am: 15.05.2011

(51) Int. Cl. : **C12N 15/52** (2006.01)

**A23L 1/015** (2006.01)

(66) Umwandlung von GM 502/2008

(56) Entgegenhaltungen:

WO 2006/053357A2

WO 2004/085624A2

WO 2003/053161A1

(73) Patentinhaber:

ERBER AKTIENGESELLSCHAFT

A-3130 HERZOGENBURG (AT)

(72) Erfinder:

MOLL WULF-DIETER DR.

STOCKERAU (AT)

HARTINGER DORIS MAG.

WIEN (AT)

HEINL STEFAN DR.

WIEN (AT)

GRIESSLER KARIN DIPL.ING.

POTTENBRUNN (AT)

BINDER EVA MARIA DR.

TULLN (AT)

SCHATZMAYR GERD DR.

TULLN (AT)

GRABHERR REINGARD DR.

PRESSBAUM (AT)

(54) **VERFAHREN ZUR HERSTELLUNG EINES FUTTERMITTELZUSATZES ZUM SAUERSTOFFUNABHÄNGIGEN, ENZYMATISCHEN ABBAU VON MYKOTOXINEN SOWIE FUTTERMITTELZUSATZ UND VERWENDUNG DESSELBEN**

(57) Bei einem Verfahren zur Herstellung eines Futtermittelzusatzes zum sauerstoffunabhängigen, enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin, wird wenigstens eine Nukleinsäuresequenz von Genen entsprechend Sequenz ID-Nr. 1, 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22 und 24 vorgelegt, die wenigstens eine Nukleinsäuresequenz in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtszellen exprimiert und wenigstens ein dadurch hergestelltes Enzym entsprechend Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23 und 25 oder auch ein kompletter, rekombinanter Wirtsorganismus sowie gegebenenfalls gemeinsam mit einem Cosubstrat in einem Futtermittel eingesetzt.

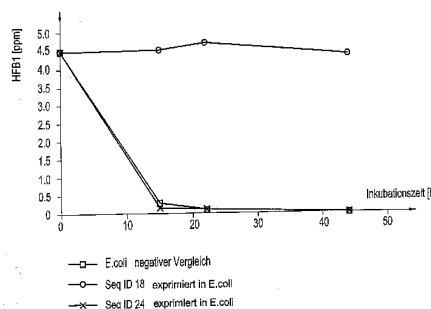


Fig. 3

## Beschreibung

**[0001]** Die vorliegende Erfindung bezieht sich auf ein Verfahren zur Herstellung eines Futtermittelzusatzes sowie die Verwendung desselben.

**[0002]** Verschiedenste Mykotoxine treten auf landwirtschaftlichen Produkten sehr häufig auf und verursachen je nach Art der Mykotoxine schwere wirtschaftliche Schäden, insbesondere in den aus den landwirtschaftlichen Produkten hergestellten Nahrungsmitteln und auch bei Tieren und Menschen, welche derartige Nahrungsmittel verzehren, wobei derartige Schäden äußerst vielfältig sind. Es wurden bereits zahlreiche Methoden entwickelt, um zu versuchen, derartige Mykotoxine zu entgiften bzw. abzubauen oder unschädlich zu machen, um die durch die Mykotoxine verursachten Schäden in den Bereichen von tierischer und menschlicher Ernährung, der Tierzucht, Viehwirtschaft, Verarbeitung von Futter und Lebensmittel und dgl. hintanzuhalten.

**[0003]** Unter den bekannten Mykotoxinen existiert eine Vielzahl von untereinander strukturell verwandten Mykotoxinen, wie beispielsweise die Fumonisine, von welchen Fumonisin B<sub>1</sub> das am häufigsten vorkommende Toxin der Gruppe ist. Jedoch sind zahlreiche Derivate und verwandte Moleküle bekannt, welche ebenfalls giftige Wirkungen bei Tieren aufweisen, wie beispielsweise im Zusammenhang mit der Fütterung von kontaminiertem Mais. Fumonisine sind in diesem Zusammenhang eine nahezu allgegenwärtige Kontamination auf Mais, welche aber auch auf anderen Getreiden, Nüssen und Gemüse einen stark negativen Effekt in bezug auf die Tiergesundheit und Leistung darstellen.

**[0004]** Der mikrobielle Abbau von Fumonisinen wurde bereits in der EP 1 860 954 beschrieben, gemäß welcher Mikroorganismen zur Entgiftung von Fumonisinen und Fumonisinderivaten eingesetzt werden, bei welchen die detoxifizierenden Bakterien oder Hefen, gewählt aus genau definierten Stämmen zur Entgiftung von Fumonisinen Futtermitteln zugesetzt werden.

**[0005]** Auch wurden bereits katabolische Stoffwechselwege für den biologischen Abbau von Fumonisinen und die hierfür verantwortlichen Gene und Enzyme beschrieben. So beschreibt beispielsweise die EP 0 988 383 bzw. die WO 2006/053357 A2 Fumonisin entgiftende Zusammensetzungen und Verfahren, wobei die eingesetzten, Fumonisin abbauenden Enzyme in erster Linie in transgenen Pflanzen produziert werden, bei welchen die Entgiftung von Fumonisinen mit Hilfe einer Aminooxidase, welche für ihre enzymatische Aktivität molekularen Sauerstoff benötigt, erfolgt.

**[0006]** Des Weiteren beschreibt die WO 2004/085624 Transaminasen, Deaminasen und Aminomutasen und Zusammensetzungen und Verfahren zur enzymatischen Detoxifizierung, wobei insbesondere aminierte Toxine, beispielsweise Fumonisine, entgiftet werden. In diesem Zusammenhang werden Polypeptide, welche eine Deaminaseaktivität besitzen, zur Entgiftung eingesetzt.

**[0007]** Bisher bekannten Verfahren ist jedoch gemeinsam, dass sie für eine Detoxifizierung der Mykotoxine molekularen Sauerstoff für die beschriebenen, katabolischen Stoffwechselwege benötigen, wobei die insbesondere erforderlichen Aminooxidasen unter sauerstoffunabhängigen Bedingungen nicht arbeiten können. Ein Einsatz von derartigen Genen und Enzymen zur Detoxifizierung von Futtermitteln, beispielsweise im Verdauungstrakt von Tieren, ist aufgrund des im wesentlichen sauerstofffreien Milieus in dem Verdauungstrakt von Tieren nicht möglich bzw. zeigen die bekannten Gene oder Enzyme keinerlei Wirkung.

**[0008]** Die Erfindung zielt nun darauf ab, ein Verfahren zur Herstellung eines Futtermittelzusatzes zur Verfügung zu stellen, mit welchem es gelingt, Mykotoxine und insbesondere Fumonisine unabhängig von Sauerstoff sicher und zuverlässig zu entgiften.

**[0009]** Zur Lösung dieser Aufgaben ist das erfindungsgemäße Verfahren im wesentlichen dadurch gekennzeichnet, dass wenigstens eine Nukleinsäuresequenz von Genen entsprechend Sequenz ID-Nr. 1, 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22 und 24 vorgelegt wird, die wenigstens eine Nukleinsäuresequenz in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtszellen exprimiert wird

und wenigstens ein dadurch hergestelltes Enzym entsprechend Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 und eine Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, oder auch ein kompletter, rekombinanter Wirtsorganismus hergestellt wird, wobei das wenigstens eine Enzym gegebenenfalls gemeinsam mit einem Cosubstrat in einem Futtermittel eingesetzt wird. Dadurch, dass wenigstens eine Nukleinsäuresequenz von Genen entsprechend den nachfolgenden Sequenz ID-Nr. 1, 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22 und 24 vorgelegt wird, gelingt es, spezifische, Fumonisine bzw. Mykotoxine abbauende Gene zu klonieren und zu produzieren, wobei beispielsweise die Expression in *E.coli* und *Pichia pastoris* unter Verwendung von Standardverfahren durchgeführt wird, bei welcher Expression Enzyme entsprechend den Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 und eine Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, oder auch ein kompletter, rekombinanter Wirtsorganismus hergestellt wird, welcher gegebenenfalls gemeinsam mit einem Cosubstrat in einem Futtermittel eingesetzt wird. Mit einem nach einem derartigen Verfahren hergestellten Futtermittelzusatz gelingt es, Mykotoxine im Verdauungstrakt von Tieren auch in einem anaeroben oder einem sauerstoffunabhängigen Milieu vollständig und zuverlässig abzubauen, wobei die spezifischen bei diesem Verfahren exprimierten bzw. produzierten Enzyme den Abbau von Fumonisinen und von Zwischenprodukten des Abbauweges katalysieren. Mit einem derartigen Verfahren gelingt es weiterhin, den Sphingolipidstoffwechsel, der durch eine Wechselwirkung der Fumonisine mit dem Enzym Ceramidsynthase behindert wird, aufrecht zu erhalten und gleichzeitig die Fumonisine biologisch zu nicht toxischen Substanzen abzubauen, welche von dem Tier ohne Schädigung ausgeschieden werden können. Schließlich können technologische Anwendungen der Detoxifizierung erzielt werden, da dieses Verfahren auch im größeren technischen Maßstab, entgegen den aus dem Stand der Technik bekannten Verfahren, anwendbar ist, so dass mit dem erfindungsgemäßen Verfahren sicher und zuverlässig ein Futtermittelzusatz hergestellt werden kann, der Mykotoxine und insbesondere Fumonisine im sauerstoffunabhängigen Milieu enzymatisch abbauen kann.

**[0010]** Die in dem erfindungsgemäßen Verfahren eingesetzten Nukleinsäuresequenzen bzw. die mittels dieser Nukleinsäuresequenzen in bakteriellen und eukaryotischen Wirtszellen exprimierten, in sauerstoffunabhängigem Milieu sauerstoffunabhängig katalytisch wirkenden Enzyme sind nachfolgend aufgelistet.

**[0011]**

## NUKLEINSÄUREN

## SEQUENZEN:

>Seq ID 1 (*fum* (Fumonisin-katabolismus) Gencluster, 15.420 bp)  
TGTCGGCGATCRGTAAACTTCTACCGTGGTCTCGTTCCGCCACAKCATAACATCACAGACRTCGGGATTTCCAACCTGAAC  
GGGTCCCGGCTGCCGGCCACATTTCCCGAACGCATATGGGTGATTTCCGACAATCCGGTTCAGGCGAAGATGGGTG  
CGCCCCATTTAACCGCGGGTCGAAAGAGGTCGATCTGGTCTTGTCCTGAAAGGTTTTGGCGTGCAGGGATAAACGACA  
CCAAGTTGATGCTGGGACGTTATGCGACGAAGGGAACCCCTTCGTGGCGTGCCTCACGACTCCAGGCAGAAAGGTTTC  
CGTACCGGACCCGGATTCGTGACAATCGCGGCGACCTGTCCGGTGGTCTTGTAAATGCCCTCCGGCCATATAGGCTGCCG  
CGCCCTCGTGCCGACCGGGACGAACAATATCCCATTTGCTTCAGAGCGCAGCCAGGAGCGGATCCACCTCCGGCGACATG  
AGGCCGAAGACATACCGGACGCCCTTCGACGGCCAAACATCGTGCCAATAATTCTCCGCCCGTGGGCGCATGACGATCTC  
CAGTACGAAAGGTGAGTGCCAGGTTCCGGCACATTCGCTGTGGTTAGTTGATGCGCTGATCGGCCAACCGACTGAGTGG  
AGTTGGATGGCCGACCTTACCCTGTCCGCGATAACTCTCAGATCCGGAACCGACCCCGACATTAATAAGCGGCCGAC  
CGGATCATAGGCAGAGCTGGTCCGGCTGGAAAACTGCTGGGGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTCGTTC  
TATTGACCGATAGAAACAGCTGCTGCTTCTGGCCAAAAGCCGCGATGTCGAAGGTCAATGTCGCGTTCGTTCGTTCGTTC  
GCCGAGCGTGGTTCAAATTCGTATCGACGCCCTCCACATTTGCGGCATTGAACACCGATGTCGCGATGAAGCGCTGCTG  
CAGGAGAAGCGCCAATCGTCGTCGAATATCGCGCTGGAAGTTGGCCGACCATTTTGGCGTGTCCGGTTGTCCGAGCG  
AAGGATGGGCGCCGAGCCGCTCGCGATGCGATAGGCGAGGATGTTGCGTTCGACGCGCACGAAGACTGAACGTGCCG  
CCGCCGACGGGCGTGAGTAATAGGCCCTCGAAGTCAATTCCCGCCGCTTCTGACAGCCAGTTGAGATTGGGACCCGCT  
CACTGTGATGGTCCGCTCCGATTCCTCGTTATGAGGTTCGCGAAGAAGGTTTTCCTGCATCGCACGCGTTCGATTTCT  
CTGTGGGAAAGGAGGAAATCGATCGCGCCCTTACCTTACCACATAGCGATCGACCGAAAACCTGAAACCCCGGCACGAAG  
GCGGGCGTAGCACCGCGCCGAATGTAAGGACGTCGCGCTTTTCAGGGCGCAAATCCGCGTTGCCGGCGGTAAAGAACCG  
CGTCTGCACAGCTGTCCGCCATAAATGAATTGAGCGTCGCTGACGGCCGGGTTCGAATAGCTCGACAAGGCTTGGCC  
CGCGGATATCTCGCGAACGGGTCCGCGCGAACCTGAGGCCGTCGATCGGCTCATATTTCCGCCAGCTTCCAGGTTGTT  
ACTCCACCGEACTGGCTGTAATCGGCATATCGGACGGCGCCGTTAAGTTTCAGCGAACGTCACGCGCGCTGTCTTCAG  
AATCGGACGCGGATTTCCGACAAAACCTTCTTGTATGTCATAGCTTCCCGAGAAGGGAAGTGGGTTGTAGAGATTGAAGC  
TCCAGGCCGACCTGCTGCGCGCGAGCCCTGATTCCCGTGTGATCGAGGTCGTCGCTGCGATATCGCGTCCGTT  
TCTGCCGGCCCTTCTCTTGGCATATCGATACCAGCGCGACCGAGACCGGGCCCGCGCCGAACGACAGGCTATCGCC  
GAGGTCCCGGAAATCGTGAGTCCCGCCACATATGCTCAAGCCTCAGCTGAGCGACGCCATCAGCGGTGACATAGTCGA  
TGGCCGACGCGCTCGCGGAGCCTGTGCCGAAGAGATTGAGCGGCACGCAATCTTGGTTCGAGCCCGCCAGTGTGAACGG  
CAGACGATATGCCCGCGGGATCGCGGACCGCATCGACGGCGCGTAGAGATTGCGGTTGATGTTGAGATTGTTTTCAG  
AAGCTCGAGGTCGTAAGCCAAAGGAGGCGGAGCCATCGAGTTTCAGCCATTGCCAATGTCGCGCGAAGCCGGCAG  
CGCGCGGTAGACCTTTGCGAAATTCGATTTCCGACCAAGGGAAAGTTCGCTTGAGAAGCGACCGACAACGATCGAAGCC  
TGGCATTCTGTCCATGAGCGTCGCGAGTGGAGCCGGAAGGCGTTATCAGCGAAGATCCGGAATTTATTCGAGCC  
ACCGACATGCGATATTACGAATGCACCCAGGTTGGTGTGGGAATAAGCATAGGTGCCCTCCGCATACACCTGCACAGTGT  
CGGACACATCATATGCGCGCGTAGGAACCGCTTGTAGCGAAGCTGATCCGGGGCAAGCCGATATTCAGCGCGGTTCCA  
TCGCCCGCGCTCTGGAACGACGAGCTCGTAAAATTTCCCGTAGTCGAAGTCCCTAGGACTCCTCCGGGCAAAAACGCGAT  
GCCTTTTCAGAGGGCCGACGTCGACAAAGTCCGCGTAGGATCCGCGGAGAACTGCGAATATCGGGCACGACCGTGCACGCTG  
TCGTAGCGCCGGGACGGGATATTGGCCGGCGCGATGTCGAACCAGCGCGACCCGTTGCTTCATCGGCGCGGATTCGG  
TCCTGTGCGAAAATATTCGAAGCTGCCGAGCAAGTGAACCGGTCGTCGCGAAACGAAGTCCGGAAGGCGATCGAACCGCC  
GTAGGACGGGAGGTCCGCGCGGTTGAAACACCCGACTGGAGCTCGGCCCTGATGCCTTCCAGATCTTCGTGAGCAGCA  
AGTTGATGACGCCGAAACGGCATCGGAACCGTAGGCGCGGAGGCGCCCGTTCAGACATCGACGCGCTTGACCAAC  
GCCTGCGGACGACGCTTGATATCGACCGAGCCTGTGAAATTTGGTTCGCGACGAAACCGTTGCCGTTTCAGCAGGACGAGTT  
CCGTTTTCAGCCGAGCCGCGCATGTTGAGCAGGTTCTGACCGCTGTTCCCGTTCCGGGTGTCGTGCCAGGTTGGAGG  
TCTTCAAGCTGTGTTGAACACGGGCGAGCTGGTTGAGTGCCTGCGCAAGGTTGGTTCGAGATGCCTCCTTCAACTGCTCG  
CTGGATACGGCTGTAAACCGGCTCGGCGAATTAAGCCGTTCTGGAGGCGGCTGCCGCTCAGGACGATTTCCGCTCGTTCC  
CCGTTCCGTTGTCGCTTTCGTCGGCTGACCTATCGATGCGGGATCGCTATCCTGAGCACTGGCAGAGACAGGAAATCGCA  
GGGTCCGAGCGCTACTGCGCGGAGCAAATATTTGCCTTGCCTGGCTTTTCGATTCGAACTTCGGATACATCTGCAGT  
CCCTCCGAAATGATAGGACTCCGTTTGGTTCCTTTCGACGCGCCGCTCGCTCACCACGGTCCGGTCCGAGG  
CTAAGCGTCGGCCCTAAGGACCCGCAATTTGAACATCAAATGCAATGATCGGAGGCTTCATTGCACCTTCGCGCATAGACC

GGCGCGGTAGCTGAAAGTGCCAATAATCAGGGATTTTGCTGAACAGTTGCGGCATGACGTCGGCCATCGGCCACGCGGTT  
GGCGGCATCGACGTGGCTTTCGCGTTCGCGCCCTCAAGCACCGGCGAGTTGCATTAAAATGGGATGAGGCTGGAGAGAC  
GCAAAATCTCTGAGGACCGCGTGAACCGCGGATCCGTCGCTCGAGGGTCTCCGTTACATCGTCAACTGTATGGCCCGC  
AGAGAGAAACATATGTGATAGGGATGAACATAGACCGCGCCCTTCAGGCACGCGCGGCCACGCATAGCCGATCCGAA  
AATCGGGATCGTCCGCAAGAATATTTGCGCATCTGCGCCGGGCCCTGCTGCTCAACTCAAGACCATGGCGTGAGAC  
TGTGCTCCAGGCTGCCCGCAGGGCGCGCGCTGGCGATCAGCGTTTCGAGATAAGGCGTCTCTCGAATGATCCTGAG  
GGTTTCGATCGCGCCCGCATCGGTACCGCAGAGAACAGAGAGCCGTCACAAATATATCCCGCGCCGATCGCGCG  
CCTTGTTCGAGCCAGCAGGGCGGAGATCGGATAGCCATTCGCAAAAGCATTTCGCCAGCACTGAGATCGGGTTCGATA  
CCCAATGCGTCCAGCTGCAATCGCGCCACCCGAAACCTTCGCGCACATCGTCAACGACCAGAAGCGCACCGTCTC  
GTCACAACTTTTCGAGCGGTGCGCGCAACTCAAGCTGGCGAGGGCCTGGTCTCAATACTTCGTGTCGAAAGGTG  
TGGCAAAGACAGCCGAATATCGCCATCGTGCCCTTGAACGCGTCCGATAAGCTTTGGGCGTCGTTATAGGTATAATAT  
GCGACATGCACGCGATCGGAAGCGAGAAATCCCGGCAGTATGCGGAGTGTTCACGCGGAAGGCCATGATAGGCGCCTT  
GGCGCATAATATGGTTTTCGCGCCCGTATGGGCACGCGGAGAACCATCGCGTTGAGGTGGCATCGTGCATTTTTCG  
AGAACATCGCCAAATCCGATGACGGACCATGCCACAAGGCTTCGCGGAGGTTGACCATGATCTCCGAAGGACCGGTC  
ATGGTGTCCGCGGAAGTTCGCTGCGCATCAGCCGCGGCTTCGATTTCGGATTGCGGTAACCGAGCAAATTTGGCCATA  
CGCGCACATATAGTCGATATAGGGCTGCTCGTGGCGTCCCAAATTCGTGCCCGCAGCGCGGCTGAAGAACTGGGGGA  
ATTCGGCGCAGCAACCGTGTGACTCGTGGCCGTACATCCCGCCGGAATGACCCGTTTCGCGCGTCTCTGAGATCT  
TTCTGCTTGTTCGTTCCGCTAATGACCTCTCGCGATAAATAATGGGTAAAAATCCACGAAATTAACGATTCGTGA  
TCTGAAAGAGATATATCTGTAATATACTGTATAATTACACAAATGCGCAATCGGACGACGGGATAGCGGGGACGGAG  
ACGGGGAATCTATGCGGAACGTCAGCGCAAGGGCGCCCGCCACGAGACGCTCACCGTAGTCTGTCGCGCAATGATCG  
TTGGCACGCGCCCTTGATGGTCTTGAATAACAGCCATCTTCTCGCGCCCTTGTAGAGGAGGGCGTATTCGCGCC  
GAGGGTTGGGATCGCGCGCAACGGTGAATACTGGCGATCGCGCGGGAACATGCAATCGGACCCGTTCTTATGAAGAC  
GGGATATCTCGGGCGAAATGCGCGCACTCTGCTTAATGCTCGCGCAATCACTTCGGATTGACGTTGCGGGTTTCG  
ATTTGCCCATCGTGGCTTCCGAGCGCGAGCGGAGCCCTTGAAGGTCTTTCGCTCAGCGCGCGATCCTGATCATGACT  
CATAATCGCGCGCGGACCGGCTGAGCGGAATATTTCTGGCGCGCAGACGATACCGCAGGTAATATCTGCTATTTGCT  
CCCGACGAGATTATTCGCGCTGGGGAGCGCAGGCGGCTTACGATCCTGGGATTCCTCGCGCGATCGCGCGGATCG  
CGGCTCTGTGCTCTGATCGGTTGAGCTCGATCGACGACCGTTAACGACGACTTGCAGTGGTCAACCGCGCGGATC  
GTCAATTCGATGGCGGCAATTCGTTCAATTCGCGGGTGGTCCGCGATGGAGCTATCTGAGCGACTGGCTGCGCGCA  
CGGATTTTCGGGAGAACGATCGGTATCGCCATTTCCGGGAGTTCGTTTCCAGGTAGGCGGGCTTGGCTCGCCGTT  
GGATCGGTGGCGCGGTCGGATATCGCTTCGCTTAATCGCTGGGAGCCTGCTTCAGGCGGGCAACGTGATCGCATGGCG  
GTGGCCGATCAGCCAACTGGTTTATTTCCGCTTCTGTGCTTTCGCGCTTTCGTTGGCGATGCAGCCCTTCCAAAT  
CCGCTTCGCGATCGGATAGATAACAGCCGCGCAGCTTGTGTAAGTCTGACTGACGCGGATCGCCCTCGTGGGTTGAGCGCG  
GGCCCTTGTGCTCTCTCGCTTTCGCGGGGCGCAGGACTTGCCTGGATCTTGTGGGAGTTCGACCTTGTGCTGGCC  
AGCGCGCTTCTGATCTTTCGCTTCTCTGTTTCAACCGCGGAAAGGTGATCGTGAACCGGTGGAGATGAAAG  
ACGGATCGGGTTCGCGATCGCTGACATCGAGTCAAGCTTCGTAGCGCGCAAGCGCGCGCAGTCTAAAAGCGAGCGA  
GGTCTGCTCGTTACGAGTCTTGTGATGCGACCGCAGGCTGTGGTTCGATCTAGACCCGATCAGGTGCGTCTCTA  
TCAGATGCGAGGAGCGGGTGCCTCACCGTCTCGTCTATCATTTCTTTCGACCAAGGAAGTGGTCTATCTCGCTC  
TGATGCGCGCTATCTGGAGGGGCTCCGGAATCTCGACGCGATGGAAGTGCAGATCGGCCAGCTCGAAAGCTGGCAGGAC  
CTGATGAAGTTGGATCAGATCAGGGCGCAGACTATATAATAGCCACCCCGCCCTCAAGCTTCTGTTTCGCGGATA  
TGGCGGGTTCGAGCCAGAAAGCTTACGAGCGATACTCCGAGGAAATCGTGAAGTCCATGATGGCAGATACACGGCA  
TTTTCCATATCGCGAAATGGAGAATGAGGCTCTCATGTTACGATCTGCTTCGCAATTCGACGCGGTATGGCCGCTC  
TCCTTTCGCGGTTCCGTTGAAATACGTCGATTTCTTTCGAGGGGCAAGCGGCTTGCATTGCCTATTGCGGACACTA  
TCTGCCGAGCGAACCCATCAGCGTGAATCCGTTCAACGATATGCAGGAATGTCCGTTGCGTTGAGTTCCGTTCTGAT  
TCGGTTCGGTTAGGAGGCCCGGATAAACCAACGCTCTTCTGTCGAAGGATGTCGCTGTTTCGACCGGCTTCGAA  
GTCAGCCGCAATCAACGAGGAGATGTCACCGTGGCCAGCAAGTTCACCTGTGAGTTACTCGATCTGCGATCATTTGTTG  
CGGTGATGAAACCGGAAGTTTTCGACCGCGCGCGGCTTCTGAATCAATCGCAGCCCGGCTCAGCCGGAGATCCAG  
CGCTTCGAGAGTCTCGTGGCGGTCGTTGTTTCGAGCGGACAGTCCGTCGTTTCGCAACCGCGCTCGGCAAGAGTT  
GCTCCCGGTCGCCACCGAGCGTGGAACTTGTGATACGTCGCTGTTTCGCTCGCCAAATGTCGGGAGTTCGCTGGA  
CAGACATCAGGATGCTGTGACAGCCCGCCTTCCATGTTCTCCCGGAGCTCGCGCTTGTACATGGATCAAAAT  
CCGAGGGTCCGACTCCGCTCCTTACGCTGCCGCGGTCGAGGCTGCGGACCTGGTTGCGAGCGGCGAGGCGGAGTTCGG  
CATCAGCATTGAGAGCCTGTTGCCATCAAGCCTGCGGTTTCGATGCGCTCCACGAGGACCCGTTCCGCTTGCATGCCACC  
GAAGCCATCCGTCGGCTCGTCGAGATCCTTGAATGACGCAATGAAAGTGAAGGCTGATCGCCGTTCCACCGTGGC  
AGCCGGAACCGCACGTTGCTCGATGCCAACTCGCGCGCAACATATCGCGTGAATGGCGGTATGAGGTCCGCGCATC  
GACGAGCGGCTGGGATGATCGATGCGCAATGGGTGTCGCTGTTATGCCCCGATGGTTATGCCCGCTCGGGTCCGT  
CGGAGGTGCTTGGCGCCCGTCTCGCGCGGTCGTTCAACGACGATCGGCATCGTTTCAGCGCGCACCGGCTCGATG  
CACCTTCGCGCACAGCAATGCTTGGCGGCTCCGCGCGGCTGGTCTCGCCAAATTCGGGCGACATCGGCTTCGCGA  
AGATGGGCGATCGTGACGCGTTCATGCGCTGACGATCGATGCTCACGATCATTCGATTTGCTGAGAGACGAAACG  
GAAGATAACCGTGGGTCACAGGATATCAGTCCATCGAGGCGGGAGAGAAATGTTGAAAGAGCACCATGCCGTGGCGC  
CGGGCTCCCGCTGCGCCCGCACGTTGGCTTGGCGGATCAGCGTTTCGCGGGGCGCTCCGCCATCGCTGGACCTT  
CATGCTTGGCGCAACTGCCATTCGCTGCGCAAACTGACGATCCGAAGCTCGTTCTGATACCCAGTGGGCGCGC  
TCGAGGGCTCGAGGGCGACGTCGAGACTTTTTGGGAATACCTTTCGCGGCTCCGCGGTCGGCGACCTGCGATGGCG  
CCGCGGCTCCGCGAGGGCTGGGCGGACACGAGGACGCGCCCGCTTTCGCGCCGATTCATCGGGAACGAGCGGCT  
TAGAGAGGGGAGCCGGCTGCCGGGACGAGCGAAGACTGCTCTATCTGAATATCTGGTCTCCCAACAGGTCCGTAAGG  
GGGGCTCCCGTCTGATCTGGGTTTACGCGGTTGGGTTTTCGCGCGGTTTCGCGCGGTCGCAATATATGACGCGCTC  
GCGCTCGCGCAGAAGGCGTGGTGGTCTGCTCACGTTCAACTATCGCGCGGATTCGCGGCTTCTTGGCCATCCGGCGCT  
TTCAAAGGAAAGTCCGAATGGCGTGTGGGCAACTATGTTCTCGACATGCTCGCGGCTTCAATGGGTTTCAGAAC  
ACATAAGGGAGTTCGCGGAGACCCGAACCGTGTACGCTTTCGCGAGTCCGCGCGCGGAGCGGCTCGGACTGCTC  
CTGACCTCGCGCTCAGTGAGAGCGCTTCAATCAGGCGATACTGCAAAGTCCGGGTCGGCCAGGCGGCTCCGACGCT

TTCTGAAAGCGAAGCAATGGGCTGGAGCTGGGAGCCGATATTTCTGCTCTACGGCGTCCGATGCGGGCGAATTGACGA  
AGATCGCGCAATCGCGAATACCCATGTCGCGCCAGTTTCCACAAGCCGCGCCGATGGGTCCGATTCTGGACGGCTATGTT  
TTGCGCACCCCTTGACGTCGATGCCTTCGCCAAGGGGGCTTCCGCAAGATACCCGTTCTGGTGGCGGAAACGCCGACGA  
AGGGCGCGCTTTTACGATCGCTGCCGGTCAAACCGTCTTGAATATCGAGCCTATCTCACAGAACAATTTGGTGACG  
AGCGGACGCATGGGAGCGTGTATCCCGGAACTCCGACGCCGACGTCGCCCGCCCGTTCGCCGCTTTTTGGGGAT  
AGTCAGTTCAACAACGGGATCGAGCTGCTCTCGCAGCCTTCGCGAAATGGCGAACGCCGCTTTGGAGATATCGCTTAC  
GGCATTCCAGGAGCCGGCCGTCGCCCCACGCATGGAGACGAAATCCCTATGTCTTCGCAATCTGGGGCCGTCGT  
CCGTATCTATGTTGGGTCGCTCGAAGGGCGCCGGGGCGTCGGACATCAAATTCGCGACCGAAATGTCGCCGGCCTGG  
GTAGCTTCGCGGTGCACGGGTCCCGATCAGGGCACGAAATCGCACTGGCCCGCTTCGAGCGCCGAGGGGAGATCAT  
GACTTTTGGTTCGCGAGTTGGCTCTGGGGAAGGCTTGGAGTTTCGCCGAGCAAAGCCTGCCAACCCCTCAAATAGCGCC  
CGGCCTGTGCTGCTTCAGCACGCCGTCGCCGTTTGGCGGCGACGGGCTGTGCCCTTCGCTAGAAGGAAGTAAAGTTGCG  
CTACGACGTCGCCGATAATTTGGAGGTGGCAACGCTGCATTCAGCGGACGCGTGACGGCGCGTGAAGCGGGGGCTCGGTT  
TTGTGATCGAGCATGCGCCGCGCCATGCGCGCGGCAACAGTCTCACACGCAATATGCGTACGATGCACGAAAGT  
CCCCTGTGCGCGTTGACCGGTGAATATTCGGCGGACGAAATTTGGAATGATCTTGTCCGCGTCAAGGGGGCGCACCGA  
CGAAGAACTCGCGCGGCTCGTTATCCGCAACACCACCGAGCTATTCCTTCATGACGCGTGGCGTGTGCGTTCCAGC  
CCTCGTGTGGGCGACGTCGAGTTTATCCGGAACCAACGCAATTCCTTGGCGGCGGAAGGCGCTTTGTAACGCAATAT  
TACGCCACGGCCGAACCGCTAGGCGTCGATATTTCTCTATGATTTCTGAGGTGACCGAGATCAACCTTCAGCAAGGCGTCT  
GCAGGCTGCAATTCGCGAGCCGGGGATCCCTGTGCAAGTGAAGCCGAGGCTGCCATCGCCTCGTCCGGAGGATTCC  
AGGCAATCTTGACTGGCTCTAAGCGCATGGGGGCTGTGCGCGGAACTTCATCGTACGGGCGACGCCATATGCGACT  
GGCACGGTCTCAAGAACCCTGTTGGAGCAAGGCGTCCGCTCGTGGGAGATCCAACCCAATGCCATGCTGTGCGGATCGA  
TGGGCGAGCGCCAAATACGACGGCGCATGTCACAGCATGGACTGCGTTCCCTTCGATCGTTCGTAACGCAAGGACG  
CCTTGGCTTCTACGATGAAGGCGAAGATGTGTGGCCGAAGCGTTACGCCATATGGGGTGGTGGCACAGCAGCCT  
GATCAGATCGCTTCAGCATAATCGATCGCGAGCCGAAGCCTTTCATGCCGTCAGTGTCCCGCGTGCAGCGGA  
CACGATCGCGGTCGCGGAGAACTCGGTCTGAATCCCGTAAACCTGGAACGCGGTCGCGAATTCACGCGCGCAT  
GCGTGCAGCGGCAATTCGGCGGCAAGATTCGACGACCTCCACACCGAGGGAATCGAACCAGAAAGAAATCCAATGGGCC  
CGACCGATTATGTGCCCGGTCAGCGCCTATCTCTCGGGCCGGGATCACCTTCACCTATCTCGCGCTCAAGTAGA  
CAGCGGTGCGCGGTCATCATGAGAGACGGTGAGCCGACAAAACCTGTTGCTTCGGGGAAATAATGGCGGGCAGCA  
TTCTCGGCCAAGGTTATCTCGCTGGATTGGAATGGCGATTGGTACCGTATTCGGCCGATCGCGGTTGGGAGGCCGCA  
CGTCATGCAGGATTTGATCTCGTAAAATGCTGTCTGACTTCCGCTCGCGCCGGAGCTGGAAGCCAGGCGCGTTATGG  
AGGTGTGCACCGGTCGCGCTATTCGGAAGGTTCTGCGCGGATTTCTCTGCAATGACCTTCAGCGCTCATTTCGCCAGC  
GGCGATCTCAGCCACTCGCCAAATCTGCCACTCGTCCAAAGTTGCTATTACGCTGCCAATACGCCCTCCGATGA  
GCTTCGGAATAAACGTTCCAAAGGCGCTGTGCGAGTTGCGGCTCGAGAGCTACGAGCAGCATGCTTGGCCCCGGCGGTCG  
CCGCTCTCTATCGCAAGAATGCGCTCATCATTTCATCTTGTGCGGCGCATGCATAACCGCGTCTCTGCTTGGCGCC  
ATCTTCAACGGGATGCACCTTTTCGGAACACGCATCGGTGCCCGCGCGGGTTTTACAACGTTATTCCTTATCAGGC  
GATGATTGCCGTCGCGGCCACCATTTCTTTATTCGCGCTGGCGCTGGCGATCAGTCTCGTTTCGCTTTTCGCGGACGA  
TCGGTCTGGGAATTAAGTTCTTTATCAGCAGTGCCTGTTCTTCGGGCGTACGCGATCGCGGACTTCGCGATATCTC  
GGCGGACGCGGCGGAGGTTGTAACGACGCGGACGAGCATTTTCGACGACCCGCGGAAAATTCATCACGCCCTTGC  
CTATGGCTTCGACTTTGTTTCGCGGCCACAGCCAGGCGACGATCTACGATCATATGTTGGCTGGCCGGCGCCCTATG  
CGCTTTTCAGCTTGGCGTCTCTAGGACCGTTGGGGGATCGGAATGTTGTTGGGCGGATCGGCTACTCTGGCTC  
AAGCTGGCCGGCGAAGACCTCTCGATCACCGGCACTGCTTGGGCGGATGTTGCCCTGTTGGTGTCTCTGCTTGCAT  
AGCGCAACGGGCTCTCTCTTTAGCGGTCCGCGACCGAAGTTCATGGCGTCCGCTCGCGCTCCATCTCGCGGCTCG  
TCTTGGCTTCTTTTGGTGTGATGCCATACAGCAAAATTTGTCACGATATCTTCAGGCTCACGGCTCTCGTCCGCGCAT  
GCTGACCGCGAGGCAAGTAAAGGCTTCGCTCCAGCCCTCCACGAAAAGGGTTAAACAATGGAACATATGAAGTCCGT  
TCGCGATCGCAGTAGCGTATGCAGATCGTGAAGTGGCGAGTGGCACTGTCTCGAGCAATATGATTTCTTCTGTTACG  
GCTTCTATGCGGCATATATTTGCGAGAAGCTTTTTTCGACCGCGGATAACCGGACATCGCTCATGCTTTTATTGGCCACT  
TTTGGCGTGGTTCTCTATGAGGCCCTTGGGGCGATTTTTCTCGGGTCTACATCGATCGCGTGGGGCTCGGAAAGG  
CCTGATCGTGACACTCGCGATCATGGCGTCCGAACTCCACATTCGATGACTCCAAGCTATGAGCAATTTGGATTAC  
TCGCCCGGTTATCGCTGCTCGTGGCGACTTTTTCAGGTTTTCGCTGGAGCAGAGTGGGGTGGCGTCTCAGTGTAC  
TTGGCGGAAATTCGCTCGCCAAATCGAGAGGCTTCTTACCTCGTGGCAGTCTGCCAGCAGCAGGTGGCCGTATGAT  
CGCCCGCGGATCGGCTTTCGCTGCAATCAACGCTTTCACCGGAGCAATGAACGACTGGGGATGGCGGGTGCCTTGT  
TGATCGGATGCTTGATTATCCCGGTGATACTCTGGTGGCGCGTCTCTCCGGAACGAAAGCCTATCTCCACATGGAG  
CACAGGCGCATTCGATCGCGCAATCCCTCCGGAATTCGCAACAGAGTGGGGGCTGATCTTGACGGGCATGGCGATGC  
GATCTTCACGACGACCCCTTTTACATGATTACCGCTTATACGCGGACATTTGGCGAGAAAGCACTCGGACTGAGCCGC  
AAGATGTCCTGCTGGTTACCATCATGTTGGCGTGTGCAACTTCTGTGGCTTCGATCGGGGTTGCTCTCTCGGATCGT  
ATCGGTAGAACCCTGATCTACTGTTGCTGCGGTCACCGTTCGCGCATCGCCTTCCCTGATGAGTGGCTCGTCCG  
GGCACCGACATTCGAGCGCTTCGAGCTGTTCTGCTGACTTTCTCCGATGCTTTGGACTCTATAATGGGGCGCTCATCG  
CGAGACTCACCGAGATTATGCTCCCGCATTAGAACCCTTGGCTTCTCGCTGGCGTTTTCAGTCTCGGACCTCGCTGTT  
GGCGGCTTCAACCCATTTGGTAAGTACGGCGCTAATCCAGCGGACGGCGAGCAATTCGCGCTGCAATCTGGCTCTGTTT  
TGCGGCTTTCATCAGCTTCTGCGTGGTGGCGCATCGACCCGCTGAGCCGCAATCGCCGAGGCGCCAGATAGGACA  
ATCAGAGAATGCCGTGCGGCAATGAAGCGAGATTCGGCGGTAGGTGCGCTGGCGGCACTTCGCGAAGAGCCGTTGCGG  
ACGGCTGAAACGATGATGTTGATGAGGCTAAGACATGAGAGCAGTAGTTTACCAGAAATGGCGAACTTGTCTGGGGC  
CTATGCTGATCCGATACCCGCGCCGGGCGAGTGTCTGTCAGACAGAGCATGCGGATCTGCGGATCTGACCTTCATT  
TTTGGCATCATGCGGAGGCTTTACGAACTTGCATCGCGGGCGGTTACGCTTATGGAAGTTGATTTGTGTCGAGAC  
ATCGTTCTGGGGCATGAATCTGTGGCGAGATTATGGAGTTGGGGCTCTGCGGATCGTCTTCAAACCCGGACAGCT  
TGTGTGCTCGCTGCGCTGGCGATCGGTCGACCGGAGCGCGGACGATTTGGTACTCGGATGAGTATCCGGCGGGCTCG  
CGAATATATGTTCTCACGGAAGCGCTTGTGTCGCTGTTCCGAACGGCCTTCGGCGACCTGCGCGGCTTACGGGAC  
CCGATGGCGTGGATGGCATGCCGTCGAGATCGCGCAGGTTCAACCATCACATCCCTGTTGGTATCGGTTGGGACG  
GTCGCGTTGGCAGTCTGCTGCCCTGAAACATAAGCAAGTTGCTCCGATATTGCGTGGATCCATCGCCGATCGG

GTGCTCTTGCTCTGCGGATGGGCGCCGACCCGTTGTGATCCGCGGAAGAATCACCCCTTCGCCAGGCCGAGAAGATC  
GCACGCCCGGTCGGACAAGGTGGGGCCCTGTCCAGCTCATTGCTGTCAAAGTCTCAAATGATATTCGAATGCGTAGGGGT  
GCCGGGCATGCTTCGGCATGCGATGGACGGCCGCTCCGACGGTCCGAGATCATGGTCGTTGGCGCATGCATGCACGCCG  
ACGGATCGAGCCCATGATCGGGATGTTTAAAGCGCTCACGATCAAATCTCGGAACTTACACGGGTGAGGAATTCGCC  
GCGGTGCTTACATGATAGGTGAGGGCGCACTCGACGTATCTCCGCTCGTTACCGATGTGATTGGCCTGTCCGATGTCC  
GTCCCGCTTTGAGGCTCTACGGAGTCCAGGCGCCCAAGCAAAGTGATTTGTGACCCTTGGCGCTGAGCCTGAGGATGCC  
AAGGGTGGCAGCTTGGGCATCGTCAAAGAAGGCGACGTTGACCCGGTATGTGAACATCCCCATATCTTCCGACGCTGAA  
GCAGTTGGTAAACATGCCAAATATGAACGTGTAGTATTGCGTCCGGGTTCTCATTGTGGGGTTGCCATTGTATCGCTC  
GCACCCGGCGACAAAGATTAGATGTACTTCCGATAATCCGTGCTCTCGACCTGGCCTTCCATATATTCAGGACCTC  
TCCGACCATGCGTGGCGCGGATCGGGATCGGCAGCGGTTGGTTTCACTCGGGTCGAGTTCAGTTGATCTTCGTAAGAG  
AGAACACTCTCGGTAACCTGCGCGGGTACTATCGCAGGATCGTCTCGAGCGTYCGC

>Seq ID 2 (*fumA*)

ATGCGGAACGTCAGCGACAAGGGCGCCGCCACGAGACGCTCACCGTAGTCGTCGCGCAATGATCGTTGGCACGGCCGC  
CTTGATGGTGTGGAATACAGCCATCCTTCTCGGCGCCCTGTAGAGGAGGGCGTATTCCCGCCGAGGGGTTGGGAT  
CGCGCGCAACGGTGAATACTGCGGATCGCGCGGGAACATGCATCGGACCCGTTCTTATGAAGACGGGATATCTCGG  
GCGAAATGCGCGCACTCTGCTTAATGCTCGCCGAATCAACTTCGGATTGACGTTGCGGGTTCGATTGCCCCATCGT  
GGCTTGGCGAGCGCGAGCCGAGCCCTGGAAGTCTTTCGCTCAGCGCGGATCCTGATCATGACTCATAATCGCGCGC  
CGGACCGGCTGAGCGGAATATTTCTGGCGCGCAGACGATACCGCAGGTAATATCTGCTTATTTGCTCCGACGGAGATT  
ATTCGCGCTGGGGAGCGCAGCGGCTTACGATCCTGGGCATCTCGCGCGATCGCCGCGATCGCGGCTCTGTGCCT  
CCTCGATCGCGTTGAGCTCGATCCGACGACCGTTAACGACGACTTGCAGTGGTCACCCGCGCGGATCGTCAATTCGATGG  
CGGCATTCGTTCAATCTCGGGGTCGGTGCCGATGGAGCTATCTGGAGCGACTGGCTGCGCAGCACGGATTTTCGGGA  
GAAACGATCGGTATCGCCATTTCCGGGAGTTGCTTTGCCAGGTAGGCGGGCTTGGCTGGCCGCTTGGATCGGTGGGCG  
GGTCGGATATCGCTTCGCTTAAATCGCTGGGAGCCTGCTTCAGGCGGGCAACGTGATCGCATGGCGGTGGCCGATCAGC  
CAAGCTGGTTTATTTCCGCTTCTGTGCTTTCGGCTGTTCGTTGGCGATGCAGCCCTTCAAATCCGCTTCGCGATC  
GCCATAGATAACAGCCGCGAGCTTGTGTACTGTGACGCCGATCGCCCTCGTGGGTTGAGCGGGGGCCCTTGTGTCT  
CTCTCGCTTTCGCGGGCGACCGACTTGGCTGGATCTTTGTGGGAGTTTCGACCTTGTGCTGGCCAGCGCGCTTCTGT  
ATCTTTGCGCTTCTCTGTTTCAACCCGCGGAAAGGTGATCGTGAAACGGTGGACGTA

>Seq ID 4 (*fumB*)

ATGACATCGCAGGTCAAGCTTCGTAGCGCGCAAAGCGCGCGCAGTCTCAAAGCGAGCGAGGTCTTGCTCGTTACGA  
GTCCTTGCTTGATGCGACCGACAGGCTGTTGGTCGATCTAGACCCCGATCAGGTCGGTCTCTATCAGATTGCAGAGGAAG  
CGGGTGCCTCACCGTCTCGCTCATATTTCTTTCCGACCAAGGAAGTGGCTCATCTCGCTCTGATGCGCCGCTATCTG  
GAGGGGCTCCGGAATCTCGACCGGATGGAAGTCGACATCGGCCAGCTCGAAAGCTGGCAGGACCTGATGAAGTTGGATCA  
GATCAGGGCGGAGACTATTATAATAGCCACCCGCCCTCAAAGCTTCTGTTTCGCGGATATGGCGGGGTCGAGGCCA  
GAAAGCTTGACGAGCGATACTCCGAGGAAATCGTGAGCTCCATGTATGGCAGATAACAACGGCATTTTCCATATGCCGCAA  
ATGGAGAATGAGGCTCTCATGTTACGATCTGCTTCGCAATCTCGACCGGTATGGCCGCTCTCTTTCGCGGTTTCGG  
TGAATTAGCTCGGATTTCTTTCGGGAGGGCAAGCGGCTTGCATTGCCTATTGCCGACACTATCTGCCGAGCGAAGCG  
CATCAGCGTGA

>Seq ID 6 (*fumC*)

GTGGCCAGCAAGTTCAACTGTGAGTTACTCGATCTGCGATCATTGTTGCGGTGTATGAAACGCGAAGTTTATAGCCAGC  
CGCGCGCTTCTGAATCAATCGCAGCCGCGCTCAGCCGAGAATCCAGCGCCTCGAGAGTCTCGTGGCGGTCGCTTGT  
TCGAGCGGACCAAGTCGGTCGCTTCCGAAACCGCGCTCGGCAAAGAGTTGCTCCCGGTCCGCCACCGAGCGTTGGAACCT  
GTCGATACGTCGCTGTTTGGCTCGCCAAATGTCCGGGAGTTCGCTGGACAGACATCAGGATTCCTGTGTACAGACCGC  
CGCTTCCATGTTCTCCGCGAGCTGCGCGCTTGTACATGATCAAATCCGAGGGTCCGACTCCGCGATCCTTGACGTGC  
CGCGGCTCGAGGTCGCGACCTGGTTGCGAGCGCGAGGCGGAGTTCGGCATCAGCATTGAGAGCCTGTTGCCATCAAGC  
CTGCGGTTGATGCGCTCCACGAGGACCCGTTTCGGCTGGCATGCCACCGAAGCCATCCGCTGGCGTCTGCTCGAGATCCT  
TGAATGGACGCAATTGAAAGGTGAAAGCCTGATCGCGTTCACCGTTCGCGAGCCGGAACCGCACGTTGCTCGATGCCGAAC  
TCGCGCGCAACAATATCGCGCTGGAATGGCGGTATGAGGTCGCGCATCTGACGACGGCGTGGGATTGATCGATCGCGAA  
TTGGGTGTGCTGTTATGCCCGCATGTTATGCCCGCTCGGGTCGGTTCGGAGGTCGCTGGCGCCCGCTCGTCCGCGC  
GGTCTCCAACGACGATCGGCATCGTTTCAGCGCGCACCGGCTCGATGCACCTTCCGACAGCAATGCTTGGCGCGC  
TCCGCGCGCCTGGTCTGCCCAATCTGGGCGACATCGCGTCTCGCAAGATGGGGCATCGTGA

>Seq ID 8 (*fumD*)

GTGAAAGAGCACCAATGCGTGGCGCGCGGCTCCCGCTGCGCCCGCACGTTGGCTTTCGCGGATCAGCGTTTCCCG  
GGGGCCCTCCGCCATCGCTGGACCTTCATGCTTGGCGCAACTGCCATTCCCGTGGCTGCGCAACTGACGATCCGAAGC  
TCGTTGCTCATAACCGTCCGGCGCGCTCGAGGGCGTCCGAGGCTTTTTTGGGAATACCCTTCCGCGCT  
CCGCGGTCGGCGACTCGATGGCGCGCGCGGCTCCGCGAGGGCGTGGCGGGCACAGGGACGGCCGCGCTTTGCG  
GCCGATTGCATCGGAAACGAGCGGCTTAGAGAGGGGAGCCGGGCTGCCGGGACGAGCGAAGACTGCCTCTATCTGAATA  
TCTGCTCTCCAAACAGTTCGGTAAGGGGGGCTCCCGCTCATGATCTGGGTTTACGGCGGTGGGTTTACGGCGGTTCT  
GGCGGGTGCATATTTATGACGGCTCTGCGCTCGCGAGAAGGCGTGGTGGTCTCACGTTCAACTATCGCGCGGGAT  
TCTGGGCTTTCTTGGCCATCCGGCGCTTCAAAGGAAAGTCCGAATGGCGTGTCCGGCAACTATGGTCTTCTCGACATGC  
TCGCGCGCTTCAAATGGGTTTCAGAACACATAAGGGAGTTCGGCGGAGACCCGAACCGTGTACGGTCTTTGGCGAGTCC  
GCCGCGCGAGCGCGCTCGGACTGCTCTGACCTCGCGCTCAGTGAGAGCGCCTTCAATCAGGCGATACTGCAAGTCC

GGGFTCTGGCCAGGCGCTCGCCACGCTTTCTGAAAGCGAAGCGAATGGGCTGGAGCTGGGAGCCGATATTTCTGCTCTAC  
GGCGTGC CGATGCGGGCGAATTGACGAAGATCGCGAATCGCGAATACCCATGTGCGGCCAGTTACCAAGCCGCGCCG  
ATGGGTCGGATTCTGGACGGCTATGTTTTGCGCACCCCTTGACGTGATGCTTTCGCCAAGGGGCTTCCGCAAGATAACC  
CGTTCTGCTCGCGGAAACCGCGACGAAGGGCGCGCTTTACGGATCGCCTGCCGGTCAAACCGTCTTGAATATCGAG  
CCTATCTCACAGAACAATTTGGTGACGAGGGCGGACGATGGGAGCGTGTATCCCGGAACTCCGACGCCGACGTCCCC  
GCCGCGTTCGCGCTTTTTGGGGATAGTCAGTTCAACAACGGGATCGAGCTGCTCTCGGCAGCCTTCGCGAAATGGCG  
AACGCGCTTTGGAGATATCGCTTTACGGGCATTCCAGGAGCGGGCGTCCGCCCCGCCACGCATGGAGACGAAATTCCTT  
ATGCTTTCGCAAAATCTGGGGCGTCTGCTGATGTTTTGGGTGCTCGAAGGGCGCGCGGGGCTCGGACATCAA  
CTTGGCAGCGAATGTCGCGGCTGGGTGAGCTTTCGCGGTGCACGGGTCCCCGATCAGGGCACGAAATCGCACTGGCC  
GCGCTTCGAGCGGCGAGGGGAGATCATGACTTTTGGTTCGACGGTTGGCTCTGGGAAGGCTTGGAGTTTCGCCGAGCA  
AAGCTGCCAACCCCTCAAATAG

>Seq ID 10 (*fumE*)

TTGGAGTTTCGCGAGCAAAGCCTGCCAACCTCAAATAGCGCCCGCCTGTGCGTGTCTCAGCACGCCGTCGCCCTTT  
GCGGGCGACGGGCTGTGCCCTCTGCCTAGAAGGAAGTAAGTTGCGCTACGACGTGCGGATAATGGAGGTGGCAACGCTG  
CATGACCGCAGCCGTGACGGCGCTGAAGCGGGGCGCTCGGTTCTTGTGATCGAGCATGCGCCGCGGCCATGCGCGGC  
GGCAACAGTCTCACACACGCAATATGCGTACGATGCACGAACGTCCTTGTGCGGTTGACCGGTGAATATTCGGCGGA  
CGAATATGGAAATGATCTTGTCCGCTCACGGGGGGCGCACCGACGAAGAACTCGCGCGGCTCGTTATCCGCAACACCA  
CCGACGCTATTCCCTTATGACGCGCTGCGGTGTGCGTTTCCAGCCCTCGCTGTGCGGCACGCTGAGTTTATCGCAACC  
AACGCATTTCTTTCGCGCGCGGAAGGCGCTTGAACGCATATTACGCCACGGCCGAACGGCTAGGCGTTCGATATTTCT  
CTATGATTTCTGAGGTGACCGAGATCAACCTTTCAGCAAGGCGTGTGACGCTGCAATGCGCAGCCGGGATTCCTG  
TCGAAGTGAAGCAAGGCTGCCATCGCCTCGTCCGAGGATTCAGGCAAACTTTCAGTGGCTCTCAAGCGCATGGGG  
CCTGCTCGCGGCACTTTCATCGTACGGGGCACCCATATGCGACTGGCACGGTGTCAAGAACCCTGTTGGAGCAAGCGT  
CGCCTCGGTGGGAGATCCAACCAATGCCATGCTGTGCGCATGATGGGCGAGCGCCAAATACGACGGCGCATCGTCA  
CACGACTGGACTGCTTCCCTTCTGATCGTGTCAACAAGGACGCTTTCGCTTCTACGATGAAGGCGAAGATGTGTGG  
CCGAAGCCTTACGCCATATGGGTGCGTGTGGTGGCACAGCAGCTGATCAGATCGCTTTCAGCATAATCGATCGGACGG  
CGAAGACCTTTCATGCGCTCAGTGTTCCTCCCGTGCACGGGACGATCGCGGCTGCGCCGAGAACTCGGCTTGA  
ATCCCGTAACCCCTGGAACGCACGGTGGCCGAATTCACGCCGATGCGTCCCGCGAATTCGCGCGCAAGATCTCGAC  
GACCTCCACACCGAGGGAATCGAACCAAGAAATCCAACCTGGGCGGACCGATTATTTGTCGCCCGTTCAGCGCTATCC  
TCTCCGGCCGGGATCACCTTACCTATCTCGGCTCAAGGTAGACAGCCGTGCGCGGCTCATATGGAGACAGGTGAGC  
CGACAAAAACCTGTTTTCGCTTCGGGGAAATAATGGCGGCGAGCATTTCTCGGCCAAGGTTATCTCGCTGGATTTGAAATG  
CGGATTGGTACCGTATTCGCGCCATCGCGGTTGGGAGGCCGACGTCATGCAGGATTTTGA

>Seq ID 12 (*fumF*)

ATGCAGATTTCGATCTCGTAAAAATGCTGTCTGACTTCCGCTCGCGCCGGAGCTGGAAGCCAGGCGGCTTATGGAGGT  
GTGCAACGCGTGCCTATTTGCGAAGGGTTCTGCGCGTATTTCTGCAATGACCTTGCAGCGTCAATTCGCCAGCGGG  
ATCTCAGCCACTCGCAATCTGCGCACTCGTGC CAAGGTGCTATTACGCTGCCAATACGCCCTCCGATGAGTTC  
GGAATAAACGTTCCAAAGGCGCTGTGCGAGTTGCGGCTCGAGAGCTACGAGCAGCATGCTTGGCCCGGCGGCTCGCCG  
TCTCTATCGCAAGAAATGCGCTCATATTTCCATCTTTCGCGGCGATGCATAACCGCGTCTTCTGCTTCCGCCATCT  
TCAACGGGGATGCACTTTTCGCGAAACACGCATCGGTGCGCGGCGGTTTACAACTTATTCCTTATCAGGCGATG  
ATTGCGCTCGCGCGACACATTTCTTTATTCCGCGTGGCGTGGCGATCAGTCTCGTTCGCTTTTCGCGGACGATCGG  
TCTGGAAATTAAGTTCTTTATCAGCAGTGCCTTCTCGGGCGCTACCGCATGCGCGACTCTGCGATATCTCGGG  
GCAGCGACGCGAGGGGTGTAACGACGCGGACGAGACATTTTCGACGCCGGCGAAATTTTCATCAGCCCTTGCCTAT  
GGCTTCGACTTTGTTTCGCGCCACAGCCAGGCGACGATCTACGATCATATGTTTCGGTGGCCGGCGCCATGCGCT  
TTTCAGCTTGCCTGCTGCTTACAGGACCGTTGGGGGATCGAATGCTGTTGGGCGGATCGGCCTACTCTGGCTCAAGC  
TGGCCGGCGAAGACGCTCCTCGATCACCGCACTGCTTGGGCGGATGTTGCCCTGTTGGTCTTCTGCTTGCATAGCG  
GCAACGGGCTTCTCTTTTAGCGGTCCGACGACCGAAGTCATGGGCGTCCGCTCGCGCTCCATCTCGGCGTCTGCTT  
GGCTTCTTTTGGTGATGCCATACGCAAAATTTGTCACGGTATCTTCAGGCTCACGGCTCTCGTGCCCATCATGCTG  
ACCGCGAGGCAAGTAAATGGCTTCGCTCCAGCCCTCCACGAAAAAGGGTTAA

>Seq ID 14 (*fumG*)

ATGGAACATAGAAGTCCGTTTCGCGATCGCAGTAGCGTTCATGCAGATCGTGAGAGTGGGAGTGGCAACTGTCTCGAGCA  
ATATGATTTCTCGTTTACGGCTTCTATGCGGCATATATTGCGAGAAGCTTTTTCCGACCGGCGATAACCGACATCGC  
TCATGCTTTCATGGCCACTTTTGGCGTGGTTTCCCTCATGAGGCCCTTGGGGCGATTTTTCTCGGGTCTACATCGAT  
CGCGTGGGCGTTCGAAAGCCCTGATCGTGACACTCGCATCATGGCGTTCGGAACCCCTCACCATTCGATGACTCCAAG  
CTATGAGGCAATGGATTACTCGCACCGGTTATCGTGTGCTCGGCGACTTTTGCAGGGTTTTCCGCTGGAGCAGAGT  
CGGTTGGCGTCTCAGTGTACTTGGCGAAATTCGCTCGCCAAATCGAGAGGCTTCTCACCTCGTGGCAGTCTGCCAGC  
CAGCAGGTGGCGTTCATGATCGCCCGCGATCGTCTTGGCTGCAATCAACGCTTTCACCGGAGCAAATGAACGACTG  
GGGATGGCGGTTGCCCTTGTGATCGGATGCTTGAATATCCCGTGATACTCTGGCTGCGCCGGTCTCTCCCGAAACGA  
AAGCCTATCTCCACATGGAGCACAGGCGCATTCGATCGGCGAATCCCTCCGCAATTCGAACAGAGCTGGGGCTGATC  
TTGACGGGATGGCGATGCTGATCCTCAGCAGGACCCCTTTTACATGATTACCGCTATACGCCGACATTTGGCGAGAA  
AGCACTCGGACTGAGCCCGCAAGATGCTGCTGCTGGTTACCATCATGGTGGCGTGTGCAACTTCTGTTGGCTTCGATCG  
GGGTGCTCTCTCGGATCGTATCGGTAGAACCCGATCCTACTGGTGTGCGGTCACCGTCTCGCCATCGCCTTTCCT  
CTGATGAGCTGGCTCGTGGCGACCGACATTCGAGCGCTTTCAGCTGTTCTGCTGACTTTCTCGCATGCTTTGGACT  
CTATAATGGGGCGTTCATCGGAGACTCACCGAGATATGCTCCCGCATTAGAACCCTTGGCTTCTCGTGGCGTTCA  
GTCTCGGACCTCGTGTTCGCGGCTTACCCCATTTGGTAAGTACGGCGCTAATCCACGCGACGGGACGCAATTCGCG

CCTGCAATCTGGCTCTGTTTTGCGGCTTTCATCAGCTTCGTGGTGTGGCCGATCGACCCGGCTGAGCCGGCCAATCGC  
CGAAGGCCAGATAG

>Seq ID 16 (*fumH*)

ATGAGAGCAGTAGTTTACCGAAATGGCGAACTTGTCCTGGGGCCCTATGCTGATCCGATACCCGCGCCGGGCGAGGTGCT  
CGTCAAGACAGAGCATGCGGCATCTCGGGATCTGACCTTCATTTTTGCGATCATCCGAGGCGTTTACGAACCTTGCAAT  
CGCGGGCGGGTATCGCCTCTATGGAAAGTTGATTTGTGTCGAGACATCGTTCTGGGGCATGAATTTGTGGCCGAGATTATG  
GAGTTTCGGGCCCTCTCGGGATCTGCGCTTCAAACCCGGACAGCTTGTGTCTCGCTGCGCTGGCGATCGGTCCGACCGG  
AGCGCGGACGATTTGGTACTCGGATGAGTATCCCGCGGGCTCGCGAATATATGGTCTCACGGAAGCGCTCTTGTCTG  
CTGTTCCGAACGGCCTTCCGGCGACCTGCGCGCGCTTGACGGAGCCGATGGCGGTGGATGGCATGCCGTCGAGATCGCG  
CAGGTTCAACCACATCACATCCCTGTGGTGTATCGGGTGGCGACCGGTTCGGTGGCAGTCTGCTGCCCCGAAACATAA  
GCAAGTTGCTCCGATTATTGCGTCCGATCCATCGCCGATCGCGGTCTCTTGTCTGCGGATGGGCGCGACGCCGTTG  
TCGATCCGCGGAAGAATCACCTTTCCGCGAGGCGGAGAGATCGCACGCCCGGTTCGACAAGGTGGGGCCCTGTCACG  
TCATTTGCTGTCAAAGTCTCAAATGATATTCGAATCGTAGGGGTGCCGGGCATGCTTCGGCATCGATGGACGGCGCGTC  
CGACGGGTCGAGATCATGGTCTGTGGCGCATGTCAGCCGGACGCGATCGAGCCCATGATCGGGATGTTTAAAGCGC  
TCACGATCAAATTTCCGCGAATTTACCGGGTGAAGAAATTCGCGCGGTGCTTACATGATAGGTGAGGGCGCACTCGAC  
GTATCTCCGCTCGTTACCGATGTGATTGGCTGTCCGATGTCCCGTCCGCTTTGAGGCTCTACGGAGTCCAGGCGCCCA  
AGCAAAGTGATTTGGGACCTTGGCGCTGA

>Seq ID 18 (*fumI*)

ATGGCGAACGGAACAAGGCAGAAAGATCTCAGAGAACCGCCGAACCGGTTCATTCGGGGCGGGATGTACGGCCACGAGTCGACACGG  
TTGCTGCGCGCCAGAAATCCCGCAGTTCTTCAGGCGCGCGTGGGGGACGAAATTTGGGACGCGGACGAGCAGCCCTATATCGACTAT  
ATGTGCGCGTATGGCCAAATTTGCTCGGTTACCGGCAATCCGAAATCGAAGCCGCGGTGATGCGCAGCGACTTCTCGGCGACACC  
ATGACCGGTCCTTCGAGATCATGGTCAACCTCGCCGAAGCCTTTGTGGGCATGGTCCGTATGCGGATTTGGCGATGTTCTGCAAA  
AATGGCAGCGATGCCACCTCAACGGCGATGGTCTCGCGGTGCCATACGGGGCGCAAAACCATATATGCGCCAAAGGCGCCTAT  
CATGGCCTTCCCGTGGAACTCCGCATACCTGCCGGGATTTCTCGCTTCCGATCGCGTGCATGTGCGATATTATACCTATAACGAC  
GCCCAAAGCTTATCGGACGCGTCAAGGCGCACGATGGCGATATTGCGGCTGTCTTTGCCACACCTTCCGACACGAAGTATTGAG  
GACCAGGCCCTCGCCAGCTTGAATTCGCGCGCACCGCTCGAAATGTTGTGACGAGACCGGTGCGCTTCTGGTCTGTGACGATGTG  
CGCGCAGGTTTCCGGTGGCGCGGATTCAGCTGGACGCAATTTGGGTATCGAACCCGATCTCAGTTGCTGGGGAAATGCTTTGCG  
AATGGCTATCCGATCTCCGCCCTGCTGGGCTCGAACAAGGCGCGCGATGCGCGCGGGATATATTTGTGACCGGCTCCTTCTGGTTC  
TCTGCGGTACCGATGGCGGCCGCGATCGAAACCTCAGGATCATTCGAGAGACGCTTATCTCGAAACGCTGATCGCCAGCGCGCC  
GCCCTCGGGCAGGCTGGAGGCACAGTCTCAGCGCCATGGTCTTGAATGGAAGCAGACGGGCGCGCAGATCGCCCAAATATTC  
TTTGGCAGCATCCCGATTTTCGGATCGGCTATGCGTGGGCGCGCGTGCCTGAAGGGCGCGCTATGTTTCATCCCTATCAAT  
ATGTTCTCTGCGGCCCATACAGTTGACGATGTAACGGAGACCCTCGAGGCGACGGATCGCGGTTACGCGCGGCTCCTCAGAGAT  
TTTGGCTCTCCAGCCTCATCCCATTTTAAATGCAACTCGCCGCTGCTGA

>Seq ID 20 (*fumJ*)

ATGTATCGGAAGTTCAAGATCGAAAGCCCGGCAAGGCAATAGTTTGTCTCGGCGAGTAGCGCTCGGCACCCCTCGCATTTCCTGT  
TCTGCCAGTCTCAGGATAGCGATCCCGCATCGATAGGTGAGCCGACGGAAGCGGACACGGACCGGGGAACGAGCGAAATCGTCTG  
ACCGGCGCGCCTCCAGAACCGGCTCAATTCGCGGACGCGGTTACAGCGGTATCCAGCGAGCAGTTGAAGGAGGCAATCCGAGC  
AACCTTCCGACGCACTCAACAGCTGCGCGTTCACAGCACGCTTGAAGACCTCCAACCTTGGCACGACACCCGGAACGGGGAAC  
AGCGGTGAGAACCTGCTCAACATGCGCGGCTCGGGTCAAACCGGAACCTCGTCTGCTGAACGGCAACCGTTTCGTCCGCAACA  
TTCACAGGCTCGGTCGATATCAACGTGCTGCCGAGCGCTTGGTCAAGCGCGTTCGATGTCGTGACGGGCGCGCCTCGGCGCCTAC  
GGTTCGATGCGCTTTCGGGCGTCACTCAACTTCGTGCTCGACGAAAGATCGGAAGGCATCAGGGCCGAGCTCCAGTCCGGTTCAC  
ACCCGCGGCACTTCCCGTCTTACGGCGGTTTCGATCGCCTTCCGCACTTCTGTTTCCGACGACCGGTTGCACTTGTCTCGGAGCTTC  
GAATATTTTCGACAGGACGGAATCCGGCCGATGAAGCAACGGGTGCGCGTTCGATCGACATCGCCCGCGCAATATCCCGTGC  
GGCGTACGACAGCGCTCAGGTCGTGCCGATATTCGAGTTCTCGCGGATCCTACGGGACTTGTACGTCGGGCCCTCTGAA  
GGCATCGGTTTTTCCCGGAGGAGTCTAGGACCTTCGACTACGGGAATTTACGAGCTCGTCTCCAGAGCGCGCGGATGGA  
CCGCGGTGAATATCGGCTTCCCGCGGATCAGCTTCGCTACAACGCGTTCCTACGCGCGCATATGATGTCGACACTGTGACG  
GTGATGCGGAGGACCATGCTTATCCACACCAACCTGGGTGCATTCGTAATATCGCATGTCGGTGGCTCGAATAATTTCCGG  
ATCTCCGATGATAACGCTTCTTCCGGCTCCACTCGCGAGCTCATGGACAGAAATGCCAGGCTTCGATCGTTGTGCGTCTGCT  
TCAAGCGACTTTCCTTGGTTCGAAATCGAGAATTCGCAAAAGTCTACCGCGGCTGCGGCTTCCGGGCGAGACTTGGCAATGGC  
TGGAACTCGATGGTTCGGCTTCCGCTTACGGACTTCGACTTCGTTGATAATTTATGGCGGACAGGCTGTGACAGCGGCTTCTTACCGC  
GCCGTCGATCGGTCGGGATCCCGCGGCAATATGCTGCTGCCGTTCAACACTGGCCGCTCGACCAAGATGCGTGGCGCTCAAT  
CTCTTCCGACAGGCTCGCGAGCGGTGCGCATCGACTATGTCACCGCTGATGGCGTCTGCTCAGCTGAGGCTTGGCAATATGTC  
GCGGACTCACGATTTCCGGCGACCTCGGCGATAGCCTGTCGTTCCGGCGGGCCCGGCTCGGTCGCGCTGGTATCGAATATCGC  
AAGGAAAGCCCGGAGGAAACCGAGCGATATCGCAGGCGACGACCTCGATCACGGGAATCAGGGGGGCTCCGGCGGCGAGGCA  
GTTCCGGCTGGAGGCTCAATCTCTACAACCACTTCCCTTCTCGGGAAGCTATGACATCAAGGAAGTTTGTGCAAAATCGGCTC  
CCGATTCGAAAGGACGCGGCTGGGACGTTTCGCTGAACTTAAACGGCGCGCTCCGATATGCCGATTACAGCCAGTCCGGTGGAGTA  
ACAACCTGGAAGCTGGCGGAGAAATGAGCCGATCGACGGCCTCAGGTTCCGCGGACCGGTTCCGAGATATCCGGGGCCAAAGC  
CTTGTGAGCTATTCGACCCCGGCTCAGGCGAGCTCAATTCATTTATGGCGGACAGGCTGTGACAGCGGCTTCTTACCGCC  
GGCAACCGGATTTCCGCCCTGAAAGGGCGGACGCTTACATTCGCGCGGTCGCTACGCCCGCTTCTGTCGGGGTTTCAGTTT  
TCGGTCGATCGCTATGTTGTGAAGTGAAGGGCGGATCGATTTCTCTCTCCCGAGCAGGAAATCGACCGGTGCGATGCAAGAAAC  
ACCTTCTTCTCGACCTCATAACGGAGAATCCGACGGCACCATCACAGTGACGGTCCCAATCTCAACCTGGCTGTCCAGAAAGCG  
GCGGAAATGACTTCGAGGCTTACTCAGCCCGCTCGGCGGCGGACGTTGAGTCTTCTGTCGCTGGCAACGACCATACCTCT  
GCATCGCATCGGACCGGCTCGGCGCCATCGTTCTGCTCGGACACCGGACGCAAAATGGTCCGCAACTTCCAGGCGCGA

TATTCGACCGACGATTGGGCGCTTCTCGTGCAGCAGCGCTTCATCGCAGCATCGGTGTTCAATGCCGACAATGTGGAGGGCGTCGAT  
ACGAATTGGAACCACGCTCCGGCGGTTTGGTACACCGACGCGACATTGACCTTCGACATCGCGGCTTTGGCCAGAAGCAGCAGCTG  
TTTCTATCGGTCAATAATTTGTTTCGACCGAGATCCGCCAATAGCGACGAACCCAGCAGTTTTTCCAGCCCGACGACTCTGCG  
TATGATCCGGTTCGGCCGCTATTTAATGTTCGGGTCGGTTTCCGGATCTGA

>Seq ID 22 (*fumK*) nicht vollständig

ATGCGCCTCACGGGCGGAGAATTATTGGCAGATGTTTGGCCGTGGAAGGCGTCCGGTATGTCTTCGGCCTCATGTCCGGAGGTTG  
GATCCGCTCCTGGCTGCGCTCGAAGACAATGGGATATTGTTTCGTCCCGTGCAGGCGCCGCGAGCTATATGGCCGAGGGC  
ATTTACAAGACCACCGGACAGGTCCGCGGATTGTACGAATCCGGGTCCCGGTACGGCAAACCTTTCGCTGGAGTCTGACGGCA  
CGCCACGAAGGGTTCCCTTCGTGCAATAACGTCACCATCAACTTGGTGTGTTTTATCCCTGCAGCCAAAACCTTTCAGGGA  
CAAGACCAGATCGACTCTTTCGACCCCGGTTAAATGGGCGCACCCATCTTCGCTGGAACCGGATTGTGAAATCACCCATATG  
GCGTTCCGGAAATGTGGGCCGCGAGCCGGACCCGTTCACTTGGAAATCCCGARGTCTGTGATGTATGKTGTGGCGAAGCAGGA  
CCACGGTAGAAGTTTACRGATCGCCGACA...

>Seq ID 24

ATGGAATTGAGCCGCCAACGAGACCAGGCCTTGAGGGAGCGCCCCAAGCGGTGATCCGGGCGGGATGTACGGTACAGAGTTCGACC  
TATCTGATGCCCGAGGGCAGCCACAGTTCCTTCAGTCCGCGCAAAGGCGCCGACTTTGGGACCGCGCAGCCAGCAAGCCCGGGCGAT  
TACATGTGCGCCTATGGCCCCAACCTGCTGGGTTACGGCTTCGAACCCGTCGAAGCGCCCGCAGCCAGCAAGCCCGGGCGAT  
ACCTGACCGGGCGCTCGGAGGTGATGGTGCAGTTGGCGGAAGACTTCGTGCGCAAATCAGCCACGCGGACTGGGCCATGTTCTGC  
AAGAACGGCACAGACGCCACCTCAATGGCGATGGTTCATCGCGCGCCACACACCGCCGGAAGACGATCCTCTGCGCGAAAGGCGCC  
TATCATGGGCGCGCCTTGGTGCACGCCGATCTTGGCCGGAACGCTACCGGAGGATCGCGCCTTTGTAGTCTACTACGACTACAAT  
GACGCCCAAAGCCTCGTTCGACGCCCTTCGAGGCCCATCAGGACGACGTCGCGGGCATCTTCGCCACCCCTCACCGTACAGGTTGTT  
AGCGACCAGATCGATCCTGATCCGGAATATGCGGCCAGCGTGCAGGGCGCTTCGCGACAAGAGCGCGCCCTGCTCGTTCGACGAA  
GTTTCGAGCCGGGTTTCAGGATCGCGCGGACTGCACTGGGCCAAGATCGGCGTTCGCGATCTGAGCACCTGGGCAAGTGTCTC  
GCCAACGGCTATCCGATCTCGGCGGCTTAGGGGGCGAAAAGTGCAGCGCGCGCAAAGGCCGCTTACGTCACCGGCTCGTCTGG  
TCTTCGGCCAGCCATGGCCGAGCCGTCGAAACCTGAAGCAAATCCCGGAGACCGACTATCTCGAGCGGATCAACGCGGCGGG  
ACCCGCTGCGCGAGGGCTGCGAGCAGGCTGCTCACACCGCTTACGTTGCGCCAAAAGGGCCGCTCCATGCCCCCAAGTC  
CTCTTCGAGGAAGATCCGATTTTCGGGTTCGGCTACCGCTGGGTTTCGGAATGCCTGAAGCGAGGGGTACTTTCAGCCCTACCAT  
AACATGTTCTGTTCGGCGGCCATAGCGAGGCGGACCTGGCCAAGACCTTGGGCTACCGCGGACGCTTCGTTCGAGCTACCGGCC  
AAGCTTCGAGCCTAGAAATCCACCAACCCCTCCTCGCCTGAGAGCGGCTAA

Enzyme

Sequenzen:

>Seq ID 3 (*FumA*)

MRNVSDKAPPHELTIVVVAAMIVGTAALMVLGIQPIILLGALVEEGRIPAEGLGSAATVEI  
LAIAAGTCIGPVLTKTYLRAKCAALCLMLAAINFGLTLPGFDPPIVACRAAAGALEGLS  
LSAAILIMTHNRRPDRLSGIFLGAQTIPQVISAYLLPTEIIPRWGSAGGFITLGLAAIA  
AIAALCLVDRVELDPTTVNDDLQWSPAIVISMAAFVQFSGVGAAWSYLERLAAQHGFSG  
ETIGIAISGSLLCQVGGAWLAAWIGGRVGYRFALIASLLQAGNVIALAVADQPSWFISA  
SCAFGLFWLAMQPFQIRFAIAIDNSRQLAVLLTPIALVGLSAGPLLLSRFAGATDLRWIF  
VGSSTLLLASALLYLCASLFQPRGKVI AETVDV

>Seq ID 5 (*FumB*)

MTSQVKLRSAKRPRSPKSERGLARYESLLDATDRLLVDLDPDQVGLYQIAEEAGASPSS  
VYHFFPTKEVAHLALMRRYLEGLRNLDAEVDIGQLESWQDLMKLDQIRARDYNSHPPA  
LKLLFFGGYGGVEARKLDERYSEEIVSSMYGRYNGIFHMPQMENEALMFTICFAILDAVWA  
VSFRRFGEITSDFLREGQAACIAYCRHYLPERTPSA

>Seq ID 7 (*FumC*)

VASKFNCELLDLRSFVAVYETRSFSHAARLLNQSQPALSRRIQRLESVGGPLFERTSRS  
LAETALGKELLPVAHRALELVDTSLFASPNVREFRWDITIACVQTAHFVLPRAARLYM  
DQNPRVRLRILDVPAVEAADLVASGEAEFGISIESLLPSSLRFDALHEDPFGLACHRSHP  
LASLEILEWTQLKGESLIAVHRASRNRTLLDAELARNNIALEWRYEVAHLTTALGLIDAQ  
LGVAVMPRMVMPRSGRSEVVWRPVVAPVVQRTIGIVQRRTGSMHPAAQQLLARLRAAWS  
ANLGDIASREDGAS

>Seq ID 9 (FumD)

VKEHQCRGGRASPAAPATWRLARISVSRGASAIAWTFMLGATAIPVAAQTDDPKLVRHTQS  
GAVEGVEGDVETFLGIPFAAPPVGDLRWRPPAPPRAWAGTRDGRRFAPDCIGNERLREGS  
RAAGTSEDCLYLNIWSPKQVKGGLPVMIVVYGGGFSGGSGAVPYDGSALAQKGVVVVT  
FNYRAGILGFLAHPALSKESPNGVSGNYGLLDMLAAFKWVQNNIREFGDPNRVTVFGES  
AGASALGLLLLTSPLSESAFNQAILQSPGLARPLATLSESEANGLELGADISALRRADAGE  
LTKIAQSRIPMSRQFTKPRPMGPILDGYVLRITLDVDAFAKGAFRKIPVLVGGNADEGRA  
TDRLPVKTVLEIRAYLREQFGDEADAWERCYPANSADVPAAVARLFGDSQFNNGIELLS  
AAFAKWRTPLWRYRFTGIPGAGRRPATHGDEIPYVFANLGPSSVSMFGSLEGGAGASDIK  
LATEMSAAVVSFAVHGVDPDQGTKSHWPRFERRGEIMTFGSQVGSGEGLGVSPSKACQPSK

>Seq ID 11 (FumE)

LEFRRAKPANPQNSARPVRSARRPALRATGCALCLEGSKLRYDVAIIGGGNAALTAAVT  
AREAGASVLVIEHAPRAMRGGNSRHRTRNMRMHERPLSPLTGEYSADEYWNDLVRVTGGR  
TDEELARLVIRNTTDAIPFMTRCGVRFQPSLSGTLSSLRTNAFFLGGGKALVNAYYATAE  
RLGVDILYDSEVTEINLQOGVVQRLQLRSRGFVEVEAKAAIASSGGFQANLDWLSAWG  
PAAANFIVRGTPYATGTVLKNLLEQGVASVGDPTQCHAVAIDGRAPKYDGGIVTRLDLDCVP  
FSIVVNKDALARFYDEGEDVWPKRYAIWGRVLAQVQPDQIAFSIIDRQAEDLFMPSVFPVQ  
ADTIAGLAEKLGPNVTLERTVAEFNAACVPGFEFGQDLDLHTEGIEPKKSNWARPIIV  
PPFSAYPLRPGITFTYLGVKVDSSRVRVIMETGEPTKNLFASGEIMAGSILGQGYLAGFGM  
AIGTVFGRIAGWEAARHAGF

>Seq ID 13 (FumF)

MQDFDLVKMLSDLPSAPELEARRVMEVCNACRYCEGFCAVFPAMTLQRHFASGDLSHLAN  
LCHSCQGCYYACQYAPPHEFGINVPKALSELRLSEYEQHAWPRPVAALYRKNALIISILS  
AACITGVLLLLAAIFNGDALFAKHASVPGGGFYNVIPYQAMIAVAATTFLYSALALAISLV  
RFSRTIGLGKIKVLYQHVPVLRALRDAATLRYLGGSDGEGCNDADETFSTTRRKFHHALAY  
GFGLCFAATATGTIYDHMFGWPAPYALFSLPVVLGTVGGIGMVVGAIGLLWLKLAGEDAP  
RSPALLGPDVALLVLLLAIAATGLLLLAVRSTEVMGVALAVHLGVVLAFFLVMPYSKVFH  
GIFRLTALVRHHADREASNGFASSPPTKKG

>Seq ID 15 (FumG)

MEHMKSVRDRSSVMQIVRVASGNCLEQYDFFVYGFYAAYIARSFFPTGDNATSLMLSLAT  
FGAGFLMRPLGAIIFLGSYIDRVGRRKGLIVTLAIMAVGTLTIAMTPSYEAIGLLAPVIVL  
VGRLLQGFSAESAEGSVSYLAEIASPKSRGFFTSWQSASQOVAVMIAAIGLALQSTLS  
PEQMNDWGWVPLLIIGCLIIIPVILWLRSLPETKAYLHMEHKAHSIGESLRELQOSWGLI  
LTGMAMSILTTTTFYMITAYTPTFGEKALGLSPQDVLLVTIMVGVSNFLWLPIGGALSDR  
IGRTPILLVVPVTVLAIAPLMSWLVAAPTFGALAAVLLTFSACFGLYNGALIARLTEIM  
PPAIRTLGFSLAFSLATSLFGGFTPLVSTALIHATGSNSAPAIWLCFAAFISFVGVAAST  
RLSRPIAEGAR

>Seq ID 17 (FumH)

MRAVVYRNGELVLGAYADPIPAAGQVLVKTRACGICGSDLHFCDHAQAFTNLASRAGIAS  
MEVDLCRDIVLGHFCGEIMEFGPSADRRFKPGQLVCSLPLAIGPTGARTIGYSDEYPGG  
LGEYMLVTEALLLPVNPGLPATCAALTEPMAVGWHAVEIAQVQPHHIPVVI GCGPVGLAV  
VAALKHKQVAPIIASDPSDRRALALRMGADAVDPREESPFRQAEKIARPVGQGGALSS  
SLLSKSQMIFECVGVPGMLRHAMDGASDGSEIMVVGACMQPDAIEPMIGMFKALTIKFSR  
TYTGEEFAAVLHMIGEGALDVSPLVTDVIGLSDVPSAFEALRSPGAQAKVIVDPWR

>Seq ID 19 (FumI)

MANGTRQKDLRERAERVIPGGMYGHESTRLLPPEFPQFFRRALGARIWDADEQPYIDYMC  
AYGPNLLGYRQSEIEAAAADAQRLLDGDTMTGPSEIMVNLAEAFVGMVRHADWAMFCKNGSD  
ATSTAMVLARAHTGRKTI LCAKGAYHGASPWNTPHTAGILASDRVHVAYTYNDAQSLSD  
AFKAHDGDIAAVFATPFRHEVFEDQALAQLEFARTARKCCDETGALLVVDDVRAGFRVAR  
DCSWTHLGLIEPDLSCWGKCFANGYPISALLGSNKARDAARDIFVTGSFWFSAPVMAAAIE  
TLRIIRETPYLETLIASGAALRAGLEAQSQRHGLELQKQTGPAQMPQIFFADDPDFRIGYA  
WAAACLKGGVYVHPYHNMFLSAAHTVDDVTETLEATDRAFSAVLRDFASLQPHFILMQLA  
GA

>Seq ID 21 (FumJ)

MYRKFRIEKPGKANSLGVALGTLAFPVSASAQSDPASIGQPDEADTDRGTSEIVVTG  
SRLQNGFNSPTPVTAVSSEQLKEASPTNLADALNQLPVFNDSLKTSNPGTTPGTGNSGQN  
LLNMRGLGSNRNLVLLNGNRFVATNFTGSVDINVLPQALVKRVDVVTGGASAAAYGSDAVS  
GVINFLVLEDELEGIRAELOQSGVSTRGDLPSYGGSI AFGTSFADDRHLHLLGSFEYFRQDGI  
RADEATGRRWFEDIAAGQYPVPGATTGVTVPDIRSSRGSYGGVLTSGPLKGI AFLPGGVL  
GTFDYGNFTSSSFQSGGDGPRVNI GFAPDQLRYNAFLRAAYDVSDTVQVYAEGTYAYSHT  
NLGAFVISHVGGSNFRIFRDNAPLAPLATLMDRNAQASIVVGRFSSDFPLVEIENFAK  
VYRGAAGFRADIGNGWKLDGSASFGLTDLELRENNLTINRNLYAAVDAVRDPAGNIVCRS  
TLAGLDQDCVPLNLFGTGSPSASAIDYVTADGVAQLRLEQYVAGLTI SGDLGDSLSFGAG  
PVSVAAGIEYRKEKARQETDAISQATTSITGIRGAPAAQAGRPGGFNLNPLPFGSGSYDI  
KEGFVEIGVPILKDSALGRSLNLNGAVRYADYSQSGGVTTWKLGGEYEPIDGLRFRATRS  
RDIRGPSLVELFDPGRQATLNSIYGGQAVQTRFFTAGNADLRPEKADVLTFGAVLRPAFV  
PGFQFSVDRYVVKVKAIDFLLPQQEIDACDAGNTFFCDLITENPDGTTITVTGPNLNLAV  
QKAAGIDFEAYSRPVGGGTFSRLRALATHHTSAYRIATGSAPIRSLGQPDTPKWSANFQA  
RYSTDDWALLVQQRFIAASVFNADNVEGVDTNLNHAPAVWYTDATLTFDIAAFGQKQQLF  
LSVNNLFDRDPPIATNDPSSFSSTSSAYDPVGRYFNVGVRFR I

>Seq ID 23 (FumK) nicht vollständig

MRLTGGELLARCLAVEGVRYVFGMLMSPEVDPLLALEDNGILFVPRHEAAAAAYMAEGIY  
KTTGQVAIVTNP GPGTANLLPGVV TARHEGVFPVAITSQHQLGVVYPCTPKTFQGQDQI  
DLFRPAVKWGAPIFAWNRIVEITHMAFREM WAGRPGPVQLEIPXSVMYVVGGERGPR - KFX  
DRR. . . .

>Seq ID 25

MELSRQRDQALRERAQAVIPGGMYGHESTYLMPEGTPQFFSRGKGARLWDADGNEYVDYM  
CAYGPNLLGYGFEPVEAAAAAQARGDTLTGPSEVMVQLAEDFVAQISHADWAMFCKNGT  
DATSMAMVIARAHTGRKTI LCAKGAYHGAAPWCTPILAGTLPEDRAFFVYYDYNDAQSLV  
DAFEAHQDDVAAIFATPHRHEVFSQIDPDPEYAA SVRALCDKSGALLVVDEVRAGFRIA  
RDCSWAKIGVAPDLSTWGKCFANGYPISAVLGGEKVRSAKAVYVTGSFWFSATPMAAAV  
ETLKQIRETDYLERINAAGTRLREGLQQAAHNGFTLRQTGPVSMQPVLFEEDPDFRVGY  
GWVRECLKRGVYFSPYHNMFLSAAHSEADLAKTLAATGDAFVELRAKLPSLEITHQPLLAL  
RAA-

[0012] Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung des erfindungsgemäßen Verfahrens wird das Verfahren so geführt, dass das jeweilige Enzym mittels molekulargenetischer Methoden, Mutagenese oder molekularer Evolution so verändert wird, dass es wenigstens 90 % Sequenzidentität mit wenigstens einem der Enzyme mit der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21 und 25 sowie der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst aufweist. Indem das Verfahren so geführt wird, dass das jeweilige Enzym mittels molekulargenetischer Methoden, Mutagenese oder molekularer Evolution so verändert wird, dass es wenigstens 90 %

Sequenzidentität mit wenigstens einem der Enzyme mit der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21 und 25 sowie der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst aufweist, gelingt es, die Enzyme in noch stabilerer und an den späteren Einsatzzweck angepasster Form herzustellen, wodurch der sauerstoffunabhängige Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin, im Futter noch weiter verbessert bzw. vervollständigt werden kann.

**[0013]** Indem das erfindungsgemäße Verfahren bevorzugt so geführt wird, dass ein Enzym eingesetzt wird, welches wenigstens 90 % Sequenzidentität mit wenigstens einem der Enzyme der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23 und 25 aufweist, kann ein noch vollständigerer Abbau der Fumonisine im Magen-Darm-Trakt von Tieren sichergestellt werden, wobei gleichzeitig nicht nur Fumonisine, sondern auch verwandte bzw. strukturell ähnliche Mykotoxine im anaeroben Milieu entgiftet werden können, wie zum Beispiel das AAL Toxin.

**[0014]** Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung des Verfahrens wird das Verfahren so geführt, dass die Enzyme isoliert werden. Durch Isolation der Enzyme kann ein gezielter Einsatz einzelner Enzyme in dem Futtermittel und somit dem Verdauungstrakt von Tieren durchgeführt werden, wodurch ein noch gezielterer Abbau von Mykotoxinen möglich wird.

**[0015]** Gemäß einer weiteren bevorzugten Weiterbildung des Verfahrens wird das Verfahren so geführt, dass die Enzyme in einer Schutzhülle verkapselt werden. Durch Verkapseln der Enzyme in einer Schutzhülle gelingt es, die Enzyme ohne Veränderung, insbesondere ohne Abbau und Schädigung an ihren Einsatzort, insbesondere in den Verdauungstrakt von Tieren, zu transportieren, so dass erst nach Auflösung der Schutzhülle, beispielsweise im Magen-Darm-Trakt von Tieren, die Enzyme zu wirken beginnen, wodurch ein noch gezielterer, rascherer und vollständiger Abbau der Mykotoxine im sauerstoffunabhängigen bzw. anaeroben Milieu des Magen-Darm-Trakts von Tieren erzielt werden kann.

**[0016]** Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung wird das erfindungsgemäße Verfahren so geführt, dass die Enzyme aus Permease mit der Sequenz ID-Nr. 3, Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, Tricarallylat-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 11, Citratverwertungsprotein mit der Sequenz ID Nr. 13, Alkohol-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 17, Amino-transferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder mit der Sequenz ID-Nr. 25 und/oder Acetolactat-Synthase mit der Sequenz ID-Nr. 23 gewählt werden. Durch eine derartige Verfahrensführung können insbesondere Fumonisine vollständig und sauerstoffunabhängig abgebaut werden. In diesem Fall werden aus dem Gencluster der Nukleinsäuresequenz mit der Sequenz ID-Nr. 1 ausgewählte offene Leserahmen in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtszellen zur Expression gebracht. Im bakteriellen Stamm mit der Hinterlegungsnummer DSM16254 erfolgt die Transkription der im Gencluster mit der Sequenz ID-Nr 1 enthaltenen offenen Leserahmen gesteuert bzw. geregelt durch einen bidirektionalen Promotor, der zwischen *fumA* und *fumI*, wie dies Abb. 1 entnehmbar ist, angeordnet ist. Die Gene codieren für Proteine, welche in der Regulierung der Genexpression, wie beispielsweise *FumB* und *FumC*, bei der Substraterkennung und dem Transport, wie beispielsweise *FumA*, *FumJ*, *FumG* und im Substratkatabolismus, wie beispielsweise *FumD*, *FumE*, *FumF*, *FumH*, *FumI* und *FumK* involviert sind. Aus den entsprechenden Nukleinsäuresequenzen, welche für spezielle Proteine codieren, wurden gemäß einer bevorzugten Weiterbildung des Verfahrens gemäß der Erfindung die Gene ausgewählt, welche für den Substratkatabolismus verantwortlich sind, wodurch die entsprechenden gebildeten Enzyme das Substrat, nämlich Fumonisine vollständig katabolisieren können.

**[0017]** In der nachfolgenden Tabelle 1 ist die Bezeichnung der Gene des fumonisinkatabolischen Genclusters aufgeführt, wobei O die Orientierung, nämlich f forward und r reverse bedeuten.

TABELLE 1

Gen	Sequenz ID	O	Start	Ende	Länge	Bezeichnung
fumA	2	f	5214	6395	1182	Permease
fumB	4	f	6418	7068	651	tetR-artiger Transkriptionsregulator
fumC	6	f	7232	8176	945	lysR-artiger Transkriptionsregulator
fuwD	8	f	8294	9916	1623	Carboxylesterase
fumE	10	f	9876	11378	1503	Tricarallylatdehydrogenase
fumF	12	f	11494	12537	1044	Citratverwertungsprotein B
fumG	14	f	12541	13836	1296	Tricarallylatprotonensymport
fumH	16	f	13957	15027	1071	Alkoholdehydrogenase
fuml	18	r	5063	3795	1269	Aminotransferase
fumJ	20	r	3513	679	2835	TonB-abhängiger Rezeptor
fumK	22	r	551	?	?	Acetolactatsynthase (teilweise)

**[0018]** Indem das Verfahren bevorzugt so geführt wird, dass bei Einsatz von Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder der Sequenz ID-Nr. 25 als Cosubstrat ein Keton, insbesondere eine  $\alpha$ -Ketosäure, eingesetzt wird, kann insbesondere beim Abbau der Aminogruppe von Fumonisin und gleichzeitigem Einsatz von einer  $\alpha$ -Ketosäure, wie beispielsweise Brenztraubensäure, die Aminogruppe an dem Fumonisinmolekül durch eine Ketogruppe ersetzt werden, wobei als Nebenprodukt dieser Reaktion Alanin entsteht, welches vollständig unschädlich ist, so daß ein vollständiger Abbau von Fumonisin zu unschädlichen Substanzen sichergestellt ist.

**[0019]** Die Erfindung zielt weiterhin auf einen Futtermittelzusatz ab, mit welchem es sicher und zuverlässig gelingt, Mykotoxine, insbesondere Fumonisine im Futtermittel und/oder dem Verdauungstrakt von Tieren sauerstoffunabhängig abzubauen bzw. zu detoxifizieren.

**[0020]** Zur Lösung dieser Aufgaben ist ein derartiger Futtermittelzusatz im wesentlichen dadurch gekennzeichnet, dass wenigstens ein Enzym mit der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 und der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, oder wenigstens ein kompletter, rekombinanter Wirtsorganismus zur Produktion dieser Enzyme sowie gegebenenfalls zusätzlich wenigstens ein Cosubstrat für wenigstens eines bzw. einige der eingesetzten Enzyme und ein inerter Träger enthalten sind. Ein derartiger Futtermittelzusatz, in dem wenigstens ein Enzym oder ein kompletter, rekombinanter Wirtsorganismus zur Produktion dieses Enzyms sowie gegebenenfalls zusätzlich wenigstens ein Cosubstrat für wenigstens eines bzw. einige der eingesetzten Enzyme und ein inerter Träger enthalten sind, zeichnet sich dadurch aus, dass er zielgerichtet Mykotoxine, insbesondere Fumonisine im Verdauungstrakt von Tieren abbaut und somit detoxifiziert. Durch den Einsatz eines erfindungsgemäßen Futtermittelzusatzes, welcher im wesentlichen aus isolierten Enzymen sowie gegebenenfalls deren Cosubstraten und Trägern bestehen, ergibt sich der Vorteil, dass diese ihre katalytische Aktivität in einer Umgebung und unter Bedingungen beibehalten, in welchem beispielsweise komplette Mikroorganismen nicht oder nur wenig aktiv wären, wobei gleichzeitig eine bedeutend höhere, spezifische Aktivität erzielt werden kann, sowie definierte Reaktionen unter Vermeidung von unerwünschten Nebenreaktionen katalysiert werden können. Darüber hinaus können Probleme, welche gemäß dem Stand der Technik durch den Einsatz vermehrungsfähiger Keime in den Futtermitteln entstanden sind, mit Sicherheit hintangehalten werden und überdies weisen Futtermittelzusätze, welche nur isolierte Enzyme enthalten, sowohl eine

bessere Eignung zur Formulierung für gezielte und kontrollierte Aktivierung, d.h. beispielsweise an einer bestimmten Stelle des Verdauungstrakts, als auch die Vermeidung von unerwünschtem, erhöhtem Substratverbrauch auf. Um die Spezifität noch weiter zu erhöhen, ist der Futtermittelzusatz gemäß der vorliegenden Erfindung dahingehend bevorzugt weitergebildet, dass durch molekulargenetische Methoden, Mutagenese oder molekulare Evolution veränderte Enzyme eingesetzt sind.

**[0021]** Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung ist der Futtermittelzusatz so ausgebildet, dass ein Enzym eingesetzt ist, welches wenigstens 90 % Sequenzidentität mit einem Enzym der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 und der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, aufweist. Wenn ein Enzym eingesetzt ist bzw. wird, welches wenigstens 90 % Sequenzidentität mit einem Enzym mit der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 sowie der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, aufweist, gelingt es, neben den bevorzugt abzubauenen Fumonisin auch weitere Mykotoxine sicher und zuverlässig im Magen-Darm-Trakt von Tieren sauerstoffunabhängig abzubauen, wodurch eine weitgehende Entgiftung der aufgenommenen Futtermittel erzielt werden kann.

**[0022]** Indem der Futtermittelzusatz so ausgebildet ist, wie dies einer bevorzugten Weiterbildung der Erfindung entspricht, dass die Enzyme, veränderten Enzyme und/oder zu wenigstens 90 % identen Enzyme mit einer Schutzhülle ummantelt eingesetzt sind, kann sichergestellt werden, dass die Enzyme, die zu wenigstens 90 % identen Enzyme oder veränderten Enzyme vor einem vorzeitigen Aktivitätsverlust gesichert sind und sicher und zuverlässig an der vorgesehenen Stelle des Magen-Darm-Trakts ihre Wirkung entfalten.

**[0023]** Indem der Futtermittelzusatz bevorzugt so weitergebildet ist, dass die Enzyme aus einer Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, Tricarballylat-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 11, einem Citratverwertungsprotein mit der Sequenz ID Nr. 13, Alkohol-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 17, Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder der Sequenz ID-Nr. 25 und/oder Acetolactat-Synthase mit der Sequenz ID-Nr. 23 gewählt sind, werden im wesentlichen die zum Substratkatabolismus befähigten Enzyme zum Einsatz gebracht, so dass neben einer geringeren Menge an einzusetzenden Enzymen auch sichergestellt werden kann, dass keine unerwünschten Nebenreaktionen im Magen-Darm-Trakt von Tieren auftreten.

**[0024]** Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung der Erfindung ist der Futtermittelzusatz so ausgebildet, dass eine Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, eine Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder der Sequenz ID-Nr. 25, eine  $\alpha$ -Ketosäure als Cosubstrat und ein inerte Träger enthalten sind. Indem der Futtermittelzusatz eine Carboxylesterase, eine Aminotransferase und eine  $\alpha$ -Ketosäure als Cosubstrat neben einem inerten Träger aufweist, gelingt es insbesondere, Fumonisine, welche in den Futtermitteln enthalten sind, zuerst zu hydrolysieren, indem von den Fumonisin Tricarballylsäurereste mit Hilfe einer Carboxylesterase abgespalten werden, und das so gebildete hydrolysierte Fumonisin in weiterer Folge unter Einwirkung der Aminotransferase und der  $\alpha$ -Ketosäure als Cosubstrat, im vorliegenden Fall bevorzugt Brenztraubensäure, weiter umzusetzen, indem eine Aminogruppe von dem hydrolysierten Fumonisinmolekül durch eine Ketogruppe ersetzt wird, so dass ein für Tiere völlig ungefährliches 2-Keto-hydrolysiertes Fumonisin entsteht, welches unverändert ausgeschieden werden kann, und als Nebenprodukt Alanin gebildet wird, welches ebenfalls keinerlei negative Eigenschaften auf den Organismus ausübt.

**[0025]** Schließlich zielt die vorliegende Erfindung auf Verwendung eines Futtermittelzusatzes nach einem der Ansprüche 7 bis 11 zum sauerstoffunabhängigen bzw. anaeroben, enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin ab.

**[0026]** Die Erfindung wird nachfolgend anhand von Ausführungsbeispielen sowie Figuren näher dargestellt. In diesen zeigt:

**[0027]** Fig. 1 den Fumonisin-katabolischen Gencluster,

**[0028]** Fig. 2 die Michaelis-Menten-Kurve für Fumonisin-Carboxylesterase FumD, und

**[0029]** Fig. 3 eine Abbaukurve von hydrolysiertem Fumonisin B<sub>1</sub>.

**[0030]** In Fig. 1 ist ein Fumonisin katabolischer Gencluster als Teilsequenz von 15420 Basenpaaren eines mikrobiellen Stammes mit der Hinterlegungsnummer DSM 16254 dargestellt. In dem fum-Gencluster des bakteriellen Stammes DSM 16254 wird die Transkription der offenen Leserahmen durch einen bidirektionalen Promotor gesteuert bzw. geregelt, welcher zwischen fumA und fumI angeordnet ist. Der Cluster codiert Proteine, welche in der Regulierung der Genexpression, wie beispielsweise FumB und FumC, in der Substraterkennung und dem Transport, wie beispielsweise FumJ, FumA und FumG und in einem Substratkatabolismus, wie beispielsweise FumD, FumE, FumF, FumH, FumI und FumK involviert sind.

## BEISPIELE

**[0031]** Beispiel 1: Die Enzymkinetik von Fumonisin-Carboxylesterase

**[0032]** Das fumD Gen (Sequenz ID-Nr. 8), welches eine Fumonisin-Carboxylesterase codiert, wurde kloniert und in *Pichia pastoris* unter Verwendung von Standardverfahren exprimiert. Das his-getaggte Enzym wurde rückgewonnen und aus der überstehenden Lösung der Kultur durch Affinitätschromatographie gereinigt. Die Enzymkonzentration wurde bestimmt und die enzymkinetischen Parameter wurden mit sieben unterschiedlichen Substratkonzentrationen im Bereich zwischen 50 µg bis 25 mg FB<sub>1</sub> pro Liter und einer Enzymkonzentration von 0,33 ng/ml bestimmt. Die Reaktionen wurden in 20 mM Tris-Cl (pH 8,0) Puffer mit 0,1 mg/ml Rinderserumalbumin gepuffert und bei 30 °C inkubiert. Proben wurden nach 0, 30, 60 120 und 240 Minuten Inkubation genommen und durch HPLC-MS/MS analysiert. Fumonisin B<sub>1</sub> (FB<sub>1</sub>) und hydrolysiertes Fumonisin B<sub>1</sub> wurden quantifiziert basierend auf einer Kalibrierung mit den gereinigten Referenzsubstanzen und einem vollständig <sup>13</sup>C markierten, internen FB1 Standard.

**[0033]** Fig. 2 zeigt die Michaelis-Menten-Kurve für die Transformation von Fumonisin B1 (FB1) durch Fumonisin-Carboxylesterase FumD, welche bei einer Enzymkonzentration von 0,33 ng/ml in Tris-Cl-Puffer (pH 8,0) bestimmt wurde, wobei anfängliche Enzymgeschwindigkeiten gegen die Substratkonzentration aufgetragen wurden. Die Michaelis-Menten-Kurve zeigt einen Abfall bei höheren Substratkonzentrationen, da die Enzymgeschwindigkeit basierend auf dem Produkt, d.h. hydrolysiertes FB<sub>1</sub>-Bildung berechnet wurde. Da hydrolysiertes FB<sub>1</sub> aus FB<sub>1</sub> in einer zweistufigen Reaktion über partiell hydrolysiertes FB<sub>1</sub> mit lediglich einer Tricarballylsäure-Seitenkette, die zurückbehalten wurde, und einer Seitenkette ausgebildet wird, die abgespalten wurde, war die Endproduktbildung bei hohen Substratkonzentrationen verzögert. Die Michaelis-Menten-Konstante K<sub>M</sub> wurde als 0,90 µmol/l berechnet, was 650 ppb äquivalent ist, und die Umwandlungszahl war 900 pro Sekunde.

**[0034]** Aus Fig. 2 ergibt sich, daß Fumonisine mit der Carboxylesterase in den relevanten Konzentrationsbereichen rasch und vollständig hydrolysiert werden können.

**[0035]** Beispiel 2: Die katalytische Aktivität von hydrolysierter Fumonisinaminotransferase

**[0036]** Sequenz ID-Nr. 18 wurde unter Verwendung von Standardverfahren kloniert und in *E. coli* exprimiert unter Steuerung bzw. Regelung eines Bakteriophagen T7 Promotors. Die Bakterienzellen wurden gesammelt in 50 mM Natriumphosphatpuffer, neuerlich suspendiert und durch Ultraschall lysiert. Hydrolysiertes Fumonisin wurde hinzugefügt und die Proben wurden bei 25 °C inkubiert. Proben wurden in Zeitintervallen genommen und durch HPLC-MS/MS analysiert. Es wurde keine Reduktion der hydrolysierten FB1 Konzentration beobachtet. Wenn ein Cosubstrat, wie beispielsweise eine α-Ketosäure, wie Brenztraubensäure oder Oxalacetat zu der Reaktion hinzugefügt wurde, konnte ein vollständiger Abbau des hydrolysierten Fumonisins zu 2-Keto-HFB1 beobachtet werden, wie dies in Fig. 3 dargestellt ist. Diese Substanz ist für Tiere vollständig unschädlich.

**[0037]** Beispiel 3: Enzymaktivität in Darmmilieu

**[0038]** Zur Überprüfung der enzymatischen Aktivität von FUM-Carboxylesterase im Verdauungstrakt wurden schlachtfrische Schweinedärme verwendet und unter Ausschluss von Sauer-

stoff ins Labor transportiert und in einer anaeroben Sterilwerkbank untersucht. Etwa 10cm lange Stücke von Duodenum und Jejunum wurden abgebunden und herausgeschnitten. Mit Kanülen wurde Fumonisin B1 in konzentrierter wäßriger Lösung auf eine Endkonzentration von etwa 10 ppm eingespritzt und mit Darminhalt vermischt. Anschließend wurden 5 µg Fumonisin-Carboxylesterase in wäßriger Lösung, bzw. dasselbe Volumen Wasser in den Negativkontrollen, eingespritzt und eingemischt. Die Darmabschnitte wurden bei 39 °C inkubiert. Mit Hilfe von Kanülen wurden Proben gezogen und durch HPLC-MS/MS analysiert. Dabei zeigte sich, daß Fumonisin B1 im Duodenum und Jejunum zum Zeitpunkt der ersten Probenahme nach zwei Stunden bereits vollständig hydrolysiert war.

**[0039]** Beispiel 4: Ermittlung des Temperaturbereichs der Aktivität von Fumonisin-Carboxylesterase

**[0040]** Zur Ermittlung des Temperaturbereichs, in dem Fumonisin-Carboxylesterase aktiv ist, wurden 1,6 ng/ml FUM-Carboxylesterase in 20 mM Tris-Cl Puffer, pH 7,0, mit 0,1 mg/ml BSA und 10 ppm Fumonisin B1 bei unterschiedlichen Temperaturen inkubiert. Dabei zeigte sich, daß das Temperaturoptimum für das Enzym bei 30 °C lag. Auch bei 40 °C und sogar 50 °C wurde enzymatische Aktivität noch eindeutig festgestellt. Somit ist diese FUM-Carboxylesterase zur Anwendung unter den Temperaturbedingungen wie im Verdauungstrakt, oder im Zuge von Prozeßschritten der Lebens- oder Futtermittelherstellung, die bei erhöhter Temperatur stattfinden, geeignet.

**[0041]** Beispiel 5: Bestimmung des pH-Bereichs der Aktivität von Fumonisin-Carboxylesterase

**[0042]** Zur Bestimmung des pH-Bereichs, in dem Fumonisin-Carboxylesterase aktiv ist, wurde Teorell-Stenhagen-Puffer verwendet.

**[0043]** Dieser Puffer lässt sich durch die Kombination von Citrat, Phosphat und Borat über einen Bereich von 10 pH Einheiten mit gleicher Pufferkapazität einstellen. FUM-Carboxylesterase wurde in einer Konzentration von 3,3 ng/ml mit 10 ppm Fumonisin B1 bei verschiedenen pH-Werten in diesem Puffer bei 25 °C inkubiert. Die höchste Aktivität zeigte sich bei pH 8,0, aber es konnte im gesamten Bereich von pH 5 bis pH 10 Aktivität festgestellt werden. Durch die Aktivität in diesem breiten pH-Bereich wird die technologische Anwendung des Enzyms als Futtermittelzusatz bzw. in Zuge der Verarbeitung von Lebens- und Futtermitteln ermöglicht.

**[0044]** Beispiel 6: Fütterungsversuch mit Ferkeln

**[0045]** Der Versuch wurde in einem Versuchsstall mit 12 Buchten für jeweils 10 Tiere durchgeführt. Der Stall war ausgestattet mit Spaltenböden, Schalentränkern und einem computergesteuerten Fütterungssystem. Die Automaten waren entlang der Buchtenwände angeordnet. Das Stallklima wurde täglich automatisch aufgezeichnet und die Temperatur nach den Standardempfehlungen zur Ferkelaufzucht eingestellt.

**[0046]** 120 gemischt-geschlechtliche Absetzferkel (Alter: ca. 4 Wochen, durchschnittliches Einstellgewicht 8,21 kg) wurden für diesen Versuch eingesetzt. Jedes Ferkel wurde mit einer Ohrmarke versehen und einzeln gewogen. Die 120 Ferkel wurden auf 12 Buchten zufällig verteilt. Alle Ferkel entstammten dem österreichischen Zuchtprogramm ÖHYB (= (Edelschwein x Landrasse) x Pietrain).

**[0047]** Direkt nach dem Absetzen wurden die Ferkel für 2 Tage mit einem Starterfutter gefüttert, nach dieser Eingewöhnungsphase erfolgte die Umstellung auf das Versuchsfutter. Die Fütterung erfolgte 2-phasig: Absetzphase Tag 1-14, Aufzuchtphase Tag 15-42. Das Versuchsfutter wurde buchtenindividuell über die Spotmix-Fütterungsanlage gemischt und je nach Anzahl der Ferkel, Gewichtsentwicklung und Futterverzehr zweimal täglich trocken zugeteilt. Wasser stand zur Aufnahme ad libitum zur Verfügung. Die 12 Buchten wurden in vier verschiedene Applikationsgruppen zu je drei Wiederholungen geteilt und erhielten die folgenden Einmischungen ins oben beschriebene Futter:

**[0048]**

Gruppe	
Negativ-Kontrolle	Keine Toxine, kein Enzymzusatz
Positiv-Kontrolle	4-5,5 ppm Fumonisin B1
Versuchsgruppe 1	4-5,5 ppm Fumonisin B1 + Enzymmix 1 (Carboxylesterase, Aminotransferase, Pyruvat) 0,5 kg/t Futter
Versuchsgruppe 2	4-5,5 ppm Fumonisin B1 + Enzymmix 1 (Carboxylesterase, Aminotransferase, Pyruvat, inerter Carrier) 1 kg/t Futter

**[0049]** In der Positiv-Kontrolle wurden bei fast der Hälfte der Tiere respiratorische Probleme beobachtet, wobei es auch zu einem Ausfall kam. Alle anderen Gruppen erschienen gesund.

## LEISTUNGSDATEN

**[0050]**

Gruppe	Anzahl der Tiere	Anfangsgewicht (Durchschnitt, kg)	Endgewicht (Durchschnitt, kg)	Ausfälle
Negativ-Kontrolle	30	8,34	26,82	
Positiv-Kontrolle	30	8,17	24,77	1
Versuchsgruppe 1	30	8,08	26,69	
Versuchsgruppe 2	30	8,25	27,03	

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Erber Aktiengesellschaft  
 <120> Verfahren zur Herstellung eines Futtermittelzusatzes zum sauerstoffunabhängigen, enzymatischen Abbau von Mykotoxinen sowie Futtermittelzusatz und Verwendung desselben  
 <130> P03926  
 <140> A8025/2009  
 <141> 2008-09-18  
 <160> 25  
 <170> PatentIn version 3.3  
 <210> 1  
 <211> 15420  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 1 (fum)  
 <222> (1)..(15420)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(15420)

<400> 1  
 tgtcggcgat crgtaaactt ctaccgtggt cctcgttcgc ccacakcata catcacagac 60  
 rtcgggattt ccaactgaac gggccccggc ctgccggccc acatttcccg gaacgccata 120  
 tgggtgattt cgacaatccg gttccaggcg aagatgggtg cgccccattt aaccgcgggt 180  
 cgaaagaggt cgatctggtc ttgtccctga aaggttttg gcgtgcaggg ataaacgaca 240  
 ccaagttgat gctgggacgt tattgagacg aagggaaacc cttcgtggcg tgccgtcacg 300  
 actccaggca gaaggtttgc cgtaccggga cccggattcg tgacaatcg gcgcacctgt 360  
 ccggtggtct tgtaaatgcc ctcggccata taggctgcgg cggcctcgtg ccgcaccggg 420  
 acgaacaata tcccattgtc ttcgagcgca gccaggagcg gatccacctc cggcgacatg 480  
 aggccgaaga cataccggac gccttcgacg gccaaacatc gtgccaataa ttctccgccc 540  
 gtgaggcgca tgacgatctc cagtacgaaa ggtgagtgcc caggttccgg cacattcgct 600  
 gtggttagtt gatgagctga tcggccaacc gactgagtgg agttggatgg ccgcacctta 660  
 ccctgtcgcg cataactctc agatccggaa acggaccccg acattaaaat agcggccgac 720  
 cggatcatag gcagagctgg tcgggctgga aaaactgctg gggtcgttcg tcgctattgg 780  
 cggatctcgg tcgaacaaat tattgaccga tagaaacagc tgctgcttct ggccaaaagc 840  
 cgcgatgctg aaggtaatg tcgcgtcggg gtaccaaacc gccggagcgt ggttcaaatt 900  
 cgtatcgacg ccctccacat tgtcggcatt gaacaccgat gtcgcatga agcgtgctg 960  
 cacgagaagc gcccaatcgt cggtcgaata tcgcgcctgg aagtggccg accattttgg 1020  
 cgtgtccggg tgtccgagcg aacggatggg cgccgagccg gtcgcatgc gataggcaga 1080

Seite 1

ggatgggtgc gttgccagcg cacgaagact gaacgtgccg ccgccgacgg ggcgtgagta 1140  
ataggcctcg aagtcaattc ccgccgcttt ctggacagcc aggttgagat tgggaccegt 1200  
cactgtgatg gtgccgtccg gattctccgt tatgaggctc cagaagaagg tgtttcctgc 1260  
atcgcacgcy tcgatttcct gctggggaag gaggaaatcg atcgcgccct tcaccttcac 1320  
cacatagcga tcgaccgaaa actgaaacc cggcacgaag gcggggcgta gcaccgcgcc 1380  
gaatgtaagg acgtccgcct tttcagggcg caaatccgcy ttgccggcgg taaagaaccg 1440  
cgtctgcaca gcctgtccgc cataaattga attgagcgtc gcctgacggc cggggtcgaa 1500  
tagctcgaca aggcttgcc cyggatatac tcggaacgg gtcgcygga acctgaggcc 1560  
gtcgatcggc tcatattctc cggccagctt ccaggttgtt actccaccgg actggctgta 1620  
atcggcatat cggacggcgc cgtttaagtt cagcgaacgt cccagcgcgc tgccttcag 1680  
aatcgggacg ccgatttcga caaaccttc cttgatgtca tagcttcccg agaaggggag 1740  
tgggtttag agattgaagc ctccaggccg acctgcctgc gccgccggag cccccctgat 1800  
tcccgtgatc gaggtcgtc cctgcgatat cgcgtcggtt tcctgccggg ctttctcctt 1860  
gcgatattcg ataccagcgg cgaccgagac cgggcccgcy ccgaacgaca ggctatcgcc 1920  
gaggtcggc gaaatcgtga gtcccgcac atattgctca agcctcagct gagcgacgcc 1980  
atcagcggtg acatagtcga tggccgacgc gctcggcgag cctgtgccga agagattgag 2040  
cggcacgcaa tcttggtcga ggccggccag tgttgaacgg cagacgatat tgcccgggg 2100  
atcgcggacc gcatcgacgg cggcgtagag attgcggtg atggtgagat tgtttcacg 2160  
aagctcgagg tccgtaaggc caaaggaggc cgagccatcg agttccagc cattgccaat 2220  
gtctgcccgg aagccggcag cggcgggta gacctttgcy aaattctcga tttcgaccaa 2280  
gggaaagtcy cttgagaagc gaccgacaac gatcgaagcc tgggcatttc tgtccatgag 2340  
cgtcgcgagt ggagccggaa ggaaggcgtt atcacggaag atccggaaat tattcgagcc 2400  
accgacatgc gatattacga atgcaccag gttggtgtgg gaataagcat aggtgccttc 2460  
cgatacacc tgcacagtgt cggacacatc atatgcggcy cgtaggaacg cgtttagcgy 2520  
aagctgatcc ggggcgaagc cgatattcac gcgcgggtcca tcgccgccgc tctggaacga 2580  
cgagctcgtg aaattcccgt agtcgaaggt ccctaggact cctccgggca aaaacgcgat 2640  
gcctttcaga gggccggacg tgacaagtcc gccgtaggat ccgcgagaac tgcaatatc 2700  
gggcacgacc gtgacgcctg tcgtagcgc gggcacggga tattggccgg cggcgatgtc 2760  
gaaccagcgg cgacccttg cttcatcggc ccggattccg tcctgtcga aatattcgaa 2820  
gctgccgagc aagtgaacc ggtcgtcggc aaacgaagt cccaaggcga tcgaaccgcc 2880  
gtaggacggg aggtcggcgc gggttgaaac acccgactgg agctcggccc tgatgccttc 2940  
cagatcttcg tcgagcacga agttgatgac gcccgaaacg gcatcggaac cgtaggcggc 3000  
cgaggcggc cccgtcacga catcgacgc cttgaccaac gcctgcggca gcacgttgat 3060  
atcgaccgag cctgtgaaat tggtcgcgac gaaacggtt cggttcagca ggacgaggtt 3120

Seite 2

ccggtttgac ccgaggccgc gcatgttgag caggttctga ccgctgttcc ccgttccggg 3180  
tgctcgtgcca gggttggagg tcttcaagct gtcgttgaac acgggcagct ggttgagtgc 3240  
gtcggcaagg ttggtcggag atgcctcctt caactgctcg ctggatacgg ctgtaaccgg 3300  
cgtcggcgaa ttgaagccgt tctggaggcg gctgccggtc acgacgattt cgctcgttcc 3360  
ccggtccgtg tccgcttcgt ccggctgacc tatcgatgcg ggatcgctat cctgagcact 3420  
ggcagagaca ggaaatgcga gggtgccgag cgctactgcg ccgagcaaac tatttgcctt 3480  
gccgggcttt tcgattctga acttccgata catctgcagt ccctcccga ttgatagggg 3540  
ctccgtttga gtcccttgt ttcttgacgc cgccgtcgct caccacggtc cggtcggagg 3600  
ctaagcgtcg ggcctaagga cccgcaattt gaacatcaaa tgcaatgatc ggaggcttca 3660  
ttgcacttcg cgcatagacc ggcgcggtag ctgaaagtgc caataatcag ggattttgct 3720  
gaacagttgc ggcatgacgt ccggcatcgg ccacgcgggtt ggcggcatcg acgtggcttt 3780  
cgcgtcgccg cccctcaagc accggcgagt tgcattaana tgggatgagg ctggagagac 3840  
gcaaaatctc tgaggaccgc gctgaacgcg cgatccgctc cctcggagggt ctccgttaca 3900  
tcgtcaactg tatgggccgc agagagaaac atattgtgat agggatgaac atagacgccg 3960  
cccttcaggc acgccgcggc ccacgcatag ccgatccgaa aatcgggatc gtccgcaaag 4020  
aatatttgcg gcatctgcbc cgggccgctc tgctcaact caagaccatg gcgctgagac 4080  
tgtgcctcca ggctgcccg cagggcgcg cgcgtggcga tcagcgtttc gagataaggc 4140  
gtctctcgaa tgatcctgag ggtttcgatc gcggccgcca tcggtaccgc agagaaccag 4200  
aaggagccgg tcacaaatat atcccgcgcc gcatcgcgcb ccttgttcga gccagcagg 4260  
gcbgagatcg gatagccatt cgcaaagcat tttcccagc aactgagatc gggttcgata 4320  
cccaaatgcbg tccagctgca atcgcgcbcc acccggaaac ctgcbgcbac atcgtcaacg 4380  
accagaagcbg caccggtctc gtcacaacat tttcagcggg tgcgcbgcbg ctcaagctgg 4440  
gcbgaggcct ggtcctcaaa tacttctgtg cggaaaggtg tggcaaagac agccgcaata 4500  
tcgccatcgt gcbcttgaa cgcgtccgat aagctttggg cgtcgttata ggtataatat 4560  
gcbgatgca cgcgatcggg agcbgaaatc ccggcagtat gcbgagtgtt ccacggggaa 4620  
gcbccatgat aggcgccttt ggcgcataat atggttttgc gccccgtatg ggcacgcbg 4680  
agaaccatcbg ccgttgagggt ggcacgctg ccatttttgc agaacatcbg ccaatccgca 4740  
tgacggacca tgcccacaaa ggcttcggcg aggttgacca tgatctcga aggaccggtc 4800  
atggtgcbg cbgaaagtcg ctgcbcatca gccgcggctt cgatttcgga ttgcbgtaa 4860  
ccgagcaaat ttggcccata cgcgcacata tagtcgatat agggctgctc gtcggcbtcc 4920  
caaattcgtg cccccagcbg gcbctgaaag aactggggga attctggcbg cbgcaaccgt 4980  
gtcgaactcbg ggcgtacat cccgcccgga atgaccggtt cggcbgctt tctgagatct 5040  
ttctgccttg tccgcttcbg cataatgcbg ctctcgbgaa aaataatggg taaaaatcca 5100  
cbgaaattcaa cbgattcgtg tctgaaagag atatatcttg taatatactg tataattata 5160

cacaatgcgc aatcggacga cgggatagcg gggcagggag gacggggaaa tctatgcgga 5220  
acgtcagcga caaggcggcg ccccacgaga cgctcacctg agtcgtcgcg gcaatgatcg 5280  
ttggcacggc cgccttgatg gtgcttggaa tacagccat ccttctcggc gccctttag 5340  
aggaggggcy tattcccccc gaggggttg gatcggcggc aacggtggaa atactggcga 5400  
tcgcyggcggg aacatgcatc ggaccggttc ttatgaagac gggatatctg cgggcgaaat 5460  
gcgcyggcact ctgcttaatg ctcgcccga tcaacttcgg attgacgttg ccgggtttcg 5520  
atthgcccac cgtggcttgc cgagcggcag cgggagccct ggaaggcttt tcgctcagcg 5580  
cggcgatcct gatcatgact cataatcggc ggccggaccg gctgagcggg atatttctgg 5640  
gcgcygcagac gataccgcag gtaatatctg cttatttgct cccgacggag attattccgc 5700  
gctgggggag cgcaggcggc ttcacgatcc tgggcattct cgcgcgatc gccgcgatcg 5760  
cggctctgtg cctcgtcgat cgcgttgagc tcgatccgac gaccgttaac gacgacttgc 5820  
agtggtcacc cgcggcgatc gtcatttcga tggcggcatt cgttcaattc tcgggggtcg 5880  
gtgccgcgatg gagctatctg gagcgcactg ctgcygcagca cggattttcg ggagaaacga 5940  
tcggtatcgc catttccggg agtttgcttt gccaggtagg cggggcttgg ctggccgctt 6000  
ggatcgggtg gcgggtcggg tategcttcg ccttaatcgc tgggagcctg cttcaggcgg 6060  
gcaacgtgat cgcattggcg gtggccgatc agccaagctg gtttatttcc gcttctctgtg 6120  
ctttcggcct gttctggttg gcgatgcagc ctttccaaat ccgcttcgcy atcgcgatag 6180  
ataacagccg gcagcttgct gtactgctga cgcggatcgc cctcgtcggg ttgagcgcgg 6240  
ggcccttggt gctctctcgc tttgccgggg cgaccgactt gcgctggatc tttgtgggga 6300  
gttcgacctt gttgctggcc agcgcgcttc tgtatctttg cgcttctctg tttcaaccgc 6360  
gcggaaaggt gatcgcgtgaa acggtggacg tatgaaaaag acggatcggg gttcgcgatg 6420  
acatcgcagg tcaagcttcg tagcgcggca aagcggccgc gcagtcctaa aagcgagcga 6480  
ggtcttgctc gttacgagtc cttgcttgat gcgaccgaca ggctgttggg cgatctagac 6540  
cccgatcagg tcggtctcta tcagattgca gaggaagcgg gtgcctcacc gtcgtccgtc 6600  
tatcatttct tcccagccaa ggaagtggct catctcgtc tgatgcgccg ctatctggag 6660  
gggctccgga atctcagcgc gatggaagtc gacatcggcc agctcgaag ctggcaggac 6720  
ctgatgaagt tggatcagat caggcgcga gactattata atagccacc gcccgccctc 6780  
aagcttctgt tcggcggata tggcggggtc gaggccagaa agcttgacga gcgatactc 6840  
gaggaaatcg tgagctccat gtatggcaga tacaacggca tttccatat gccgcaatg 6900  
gagaatgagg ctctcatggt cacgatctgc ttcgcaattc tcgacgcggg atgggccgtc 6960  
tccttccgcc ggttcgggtga aattacgtcg gatttcttc gggaggggca agcggcttgc 7020  
attgcctatt gccgacacta tctgcccag cgaacccat cagcgtgaat ccgttcaacg 7080  
atatgcagga atgtccgttg cgttgagttc ggttctgagt tcggtcgggt aggaggcccc 7140  
gcgataaacc aacgctcttc tgtcgaagg atgtcgcctg gttcgaccag gccctgcgaa 7200

gtcagccgca atcaacgagg cagatgtcaa cgtggccagc aagttcaact gtgagttact 7260  
cgatctgcga tcatttgttg cgggtgatga aacgcgaagt tttagccacg ccgcgcggct 7320  
tctgaatcaa tcgcagcccc cgctcagccg gagaatccag cgctcgcgaga gtctcgtggg 7380  
cggtcctgtt ttcgagcggg ccagtcggtc gcttgccgaa acggcgcctc gcaaagagtt 7440  
gctccccgtc gccaccgag cgttggaact tgtcgatacg tcgctgtttg cgtcgcccaa 7500  
tgtccgggag ttccgctgga cagacatcac gattgcctgt gtacagaccg ccgccttcca 7560  
tgttctcccg cgagctgctc gcttgatcat ggatcaaaaat ccgagggctc gactccgcat 7620  
ccttgacgtg ccggcggctc aggtgcgga cctggttgc agcggcgagg cggagttcgg 7680  
catcagcatt gagagcctgt tgccatcaag cctgcggtc gatgcgctcc acgaggacc 7740  
gttcggcctg gcatgccacc gaagccatcc gctggcgtc ctcgagatcc ttgaatggac 7800  
gcaattgaaa ggtgaaagcc tgatcgccgt tcaccgtgcg agccggaacc gcacgttgct 7860  
cgatgccgaa ctgcgcgcga acaatatcgc gctggaatgg cggatgagg tcgcgcatct 7920  
gacgacggcg ctgggattga tcgatgcgca attgggtgtc gctgttatgc cccgcatggt 7980  
tatgccccgc tcgggtcggg cggaggtcgt ctggcgccc gtcgctcgcg cggctcgtcca 8040  
acgcacgatc ggcacgttc agcgcgcac cggctcgtg caccctgccg cacagcaatt 8100  
gcttgcgcgg ctccgcgcgg cctggtcgtc cgccaatctg ggcgacatcg cgtctcgcga 8160  
agatggggca tcgtgacacg cgttctatgc gcctgcagca tcgatgctca cgatcattgc 8220  
atgtgctgag agacgaacgc gaagataccg ctgggtcaca ggatatcagt ccatcgaggc 8280  
gggagagaaa tgtgtgaaag agcaccaatg ccgtggcggc cgggcgtccc ccgctgcgcc 8340  
cgccacgtgg cttgcgcgga tcagcgtttc ccggggggcc tccgccatcg cctggacctt 8400  
catgcttggc gcaactgcc a tcccgtggc tgcgcaaact gacgatccga agctcgttcg 8460  
tcatacccag tcgggcgcg tcgagggcgt cgagggcgac gtcgagactt ttttgggaat 8520  
acccttcgcg gctccgcccg tcggcgacct gcgatggcgg ccgcccgtc cggcggggc 8580  
gtgggcggg accagggacg gcccccgtt tgcgcccgat tgcacggga acgagcggct 8640  
tagagagggg agccgggctg ccgggacgag cgaagactgc ctctatctga atatctggtc 8700  
tcccaaacag gtcggttaag gggggctccc cgtcatgatc tgggtttacg gcggtgggtt 8760  
tagcggcggg tctggcgcg tgccatatta tgacggctc gcgctcgcg agaagggcgt 8820  
ggtggtcgtc acgttcaact atcgcgccg gattctggg tttcttgccc atccggcgct 8880  
ttcaaaggaa agtccgaatg gcgtgtcgg caactatggt cttctcgaca tgctcgcggc 8940  
gttcaaatgg gttcagaaca acataaggg gttcggcgga gaccgaacc gtgtcacggg 9000  
ctttggcgag tccgccggcg cgagcgcgt cggactgctc ctgacctgc cgtcagtga 9060  
gagcgcctt aatcaggcga tactgcaaag tccgggtctg gccaggccgc tcgccacgct 9120  
ttctgaaagc gaagcgaatg ggctggagct gggagccgat atttctgctc tacggcgtgc 9180  
cgatgcgggc gaattgacga agatcgcgca atcgcgaata cccatgctgc gccagttcac 9240

Seite 5

caagccgcg cccgatgggtc cgattctgga cggctatggt ttgcgacccc ttgacgtcga 9300  
tgccttcgcc aagggggcct tccgcaagat acccgttctg gtcggcggaa acgccgacga 9360  
agggcgcgct tttacggatc gcctgccggt caaacgggc cttgaatc gaggctatct 9420  
cacagaacaa tttggtgacg aggcggacgc atgggagcgt tgttatcccg cgaactccga 9480  
cgccgacgtc cccgccgccg ttgccgtct ttttgggat agtcagttca acaacgggat 9540  
cgagctgctc tcggcagcct tcgcaaatg gcgaacgccg ctttgagat atcgctttac 9600  
gggcattcca ggagccggcc gtcgccccgc cacgcatgga gacgaaattc cctatgtctt 9660  
cgcaaatctg gggccgctct ccgtatctat gtttgggctc ctcgaaggcg gcgccggggc 9720  
gtcggacatc aaacttgcca ccgaaatgtc cgcggcctgg gtgagcttcg cggtgacgg 9780  
ggtccccgat cagggcacga aatcgactg gccgcgcttc gagcggcgag gggagatcat 9840  
gacttttggg tcgagggtg gctctgggga aggtcttggg gtttcgccga gcaaagcctg 9900  
ccaaccctca aatagcgcc cggcctgtgc gtgcttcagc acgccgtccc gctttgcggg 9960  
cgacgggctg tgccctctgc ctagaaggaa gtaagtgcg ctacgacgtc gcgataattg 10020  
gaggtggcaa cgctgcattg acggcagccg tgacggcgcg tgaagcgggg gcctcggttc 10080  
ttgtgatcga gcatgcgccg cgcgccatgc gcggcggcaa cagtcgtcac acacgcaata 10140  
tgcgtacgat gcacgaacgt cccctgtcgc cgttgaccgg tgaatattcg gcggacgaat 10200  
attggaatga tcttgtccgc gtcacggggg ggcgcaccga cgaagaactc gcgcggctcg 10260  
ttatccgcaa caccaccgac gctattccct tcatgacgcg ctgcggtgtg cgtttccagc 10320  
cctcgtctgc gggcacgctg agtttatcgc gaaccaacgc attcttcctt ggcggcggga 10380  
agggcgttgt aaacgcatat tacgccacgg ccgaacggct aggcgtcgat attctctatg 10440  
attctgaggt gaccgagatc aaccttcagc aaggcgtcgt gcagcgtctg caattgcgca 10500  
gccggggatt ccctgtcga gttggaagcca aggtgccat cgctcgtcc ggaggattcc 10560  
aggcaaatct tgactggctc tcaagcgcgt gggggcctgc tcgggcgaac ttcacgtac 10620  
ggggcacgcc atatgcgact ggcacgggtc tcaagaacct gttggagcaa ggcgtcgcct 10680  
cgggtgggaga tccaaccaa tgccatgctg tcgcatcga tgggcgagcg cccaaatacg 10740  
acggcggcat cgtcacacga ctggactgcg ttcccttctc gatcgtcgtc aacaaggacg 10800  
ccttgcgctt ctacgatgaa ggcgaagatg tgtggccgaa gcgttacgcc atatggggtc 10860  
gcttgggtggc acagcagcct gatcagatcg ctttcagcat aatcgatcgg caggccgaag 10920  
acctcttcat gccgtcagtg ttccccccg tgcaagcgga cacgatcgcg ggtctggccg 10980  
agaaactcgg tctgaatccc gtaaccctgg aacgcacggg gccgaattc aacgccgcat 11040  
gcgtgcccgg cgaattcggc ggccaagatc tcgacgacct ccacaccgag ggaatcgaac 11100  
caaagaaatc caactgggccc cgaccgatta ttgtgcccc gttcagcgc tctcctctcc 11160  
ggcccgggat caccttcacc tatctcggcg tcaaggtaga cagccgtgcg cgggtcatca 11220  
tggagacagg tgagccgaca aaaaacctg ttgcttcggg ggaaataatg gcgggcagca 11280

ttctcggcca aggttatctc gctggatttg gaatggcgat tggtagcgta ttcggccgca 11340  
tcgcggggttg ggaggccgca cgatcatgag gattttgatc tcgtaaaaat gctgtctgac 11400  
ttgccgtcgg cgccggagct ggaagccagg cgcgttatgg aggtgtgcaa cgcgtgccgc 11460  
tattgcaag ggttctgctc ggtatttctt gcaatgacct tgcagcgtca tttcgccagc 11520  
ggcgatctca gccacctcgc caatctctgc cactcgtgcc aaggttgcta ttacgcctgc 11580  
caatacgccc ctccgatga gttcgaata aacgttccaa aggcgctgtc ggagttgctg 11640  
ctcgagagct acgagcagca tgcttgccc cggccggctg ccgctctcta tcgcaagaat 11700  
gcgctcatca ttccatctt gtcggcggca tgcataaccg gcgtccttct gcttgccgcc 11760  
atcttcaacg gggatgact tttcggaaa cacgcatcgg tgcccggcgg cgggttttac 11820  
aacgttattc cttatcaggc gatgattgcc gtcgcgccga ccacatttct ttattccgcg 11880  
ctggcgctgg cgatcagtct cgttcgcttt tcgcgacga tcggtctggg aattaaggtt 11940  
ctttatcagc acgtgccggt tcttcgggct ctacgcgatg cggcgactct gcgatatctc 12000  
ggcggcagcg acggcgaggg gtgtaacgac gcggacgaga cattttcgac gaccggcga 12060  
aaatttcatc acgcccttgc ctatggcttc ggactttggt tcgcgccac agccacgggc 12120  
acgatctacg atcatatggt cggctggcgg gcgccctatg cgctttcag cttgccggtc 12180  
gtcctaggga ccgttggggg gatcggaatg gtcgtggcg cgatcggcct actctggctc 12240  
aagctggccg gcgaagacgc tcctcgatca ccggcactgc ttgggcccga tgttgccctg 12300  
ttggtgcttc tgcttgccat agcggcaacg ggcctcctcc ttttagcggc ccgcagcacc 12360  
gaagtcattg gcgtcgcgct cgccgtccat ctggcgctg tcttggcctt ctttttgggtg 12420  
atgccataca gcaaatttgt ccacggatc ttcaggctca cggctctctg gcgccatcat 12480  
gctgaccgcg aggcaagtaa tggcttcgcc tccagccctc ccacgaaaaa gggttaaaca 12540  
atggaacata tgaagtccgt tcgcatcgc agtagcgtca tgcagatcgt gagagtggcg 12600  
agtggcaact gtctcgagca atatgatttc ttcgtttacg gcttctatgc ggcataat 12660  
gcgagaagct tttttccgac cggcgataac gcgacatcgc tcatgcttctc attggccact 12720  
tttggcgctg gtttctcat gaggcccttg ggggctgatt ttctcgggtc ctacatcgt 12780  
cgcgtcgggc gtcggaaagg cctgatcgtg acactcgcga tcatggcgt cggaaacctc 12840  
accattgca tgactccaag ctatgaggca attggattac tcgcaccggt tatcgtgctc 12900  
gtcgggcgac ttttgaggg tttttccgct ggagcagagt cgggtggcgt ctcagtgtac 12960  
ttggcggaaa ttgcgtcgc caaatcgaga ggcttcttca cctcgtggca gtctgccagc 13020  
cagcagggtg ccgtcatgat cgcccccgc atcggctttg cgctgcaatc aacgctttca 13080  
ccggagcaaa tgaacgactg gggatggcgg gtgcccttgt tgatcggatg cttgattatc 13140  
cccgtgatac tctggctgcg ccggtctctc ccggaacga aagcctatct ccacatggag 13200  
cacaaggcgc attcgtcgg cgaatccctc cgcgaattgc aacagagctg ggggctgatc 13260  
ttgacgggca tggcgtatgc gatcctcac acgaccacct ttacatgat taccgcctat 13320

Seite 7

acgccgacat ttggcgagaa agcactcggg ctgagcccgc aagatgtcct gctggttacc 13380  
atcatggctg gcgtgtcgaa cttcctgtgg cttccgatcg ggggtgctct ctcggatcgt 13440  
atcggtagaa ccccgatcct actggctgtg ccggtcaccg ttctcgccat cgcctttccc 13500  
ctgatgagct ggctcgtcgc ggcaccgaca ttcggagcgc ttgcagctgt tctgctgact 13560  
ttctccgcat gctttggact ctataatggg gcgctcatcg cgagactcac cgagattatg 13620  
cctcccgcca ttagaacctt tggcttctcg ctggcgttca gtctcgcgac ctcgctgttc 13680  
ggcggcttca cccattggg aagtacggcg ctaatccacg cgacgggag caattccgag 13740  
cctgcaatct ggctctgttt tgcggctttc atcagcttcg tcggtgtggc cgcacgacc 13800  
cggctgagcc ggccaatcgc cgaaggcgc agataggaca atcagagaat gccctgtcgg 13860  
caatgaagcg agattcgggc ggtagggtcg ctggcggcac ttcgcaaga gccgttgcgg 13920  
acggctgaaa cgatgatggg atgaatggc taagacatga gagcagtagt ttaccgaaat 13980  
ggcgaacttg tcctgggggc ctatgctgat ccgatacccg ccgcccggca ggtgctcgtc 14040  
aagaccagag catgcggcat ctgcggatct gaccttcatt tttgcgatca tgcgcaggcg 14100  
tttacgaacc ttgcatcgcg ggcgggtatc gcctctatgg aagttgattt gtgtcgagac 14160  
atcgttctgg ggcataaatt ctgtggcgag attatggagt tcgggcccctc tgcggatcgt 14220  
cgcttcaaac ccggacagct tgtgtgctcg ctgccgctgg cgatcggctc gaccggagcg 14280  
cggacgattg gctactcggg tgagtatccc ggcgggctcg gcgaatatat ggtcctcacg 14340  
gaagcgtctt tgctgcctgt tccgaacggc cttccggcga cctgcgcggc gttgacggag 14400  
ccgatggcgg tgggatggca tgccgtcag atcgcgcagg ttcaaccaca tcacatccct 14460  
gtggtgatcg ggtgcggacc ggtcgggttg gcagtcgtcg ctgccctgaa acataagcaa 14520  
gttgcctcga ttattgctc ggatccatcg cccgatcggc gtgctcttgc tctgcgatg 14580  
ggcggcagc ccgttgctga tccgcgcgaa gaatcacct ttcgccaggc cgagaagatc 14640  
gcacgcccgg tcggacaagg tggggccctg tccagctcat tgctgtcaaa gtctcaaag 14700  
atattcgaat gcgtaggggt gccgggcatg cttcggcatg cgatggacgg cgcgtccgac 14760  
gggtccgaga tcatggtcgt tggcgcacgc atgcagccgg acgcgatcga gcccatgatc 14820  
gggatgttta aagcgtcac gatcaaattc tcgcaactt acacgggtga ggaattcggc 14880  
gcgggtgcttc acatgatagg tgagggcgca ctcgacgtat ctccgctcgt taccgatgtg 14940  
attggcctgt ccgatgtccc gtccgcgttt gaggtctac ggagtccagg cgccaagca 15000  
aaagtgattg tggacccttg gcgctgagcc tgaggatgcc aagggtgcga cgttgggcat 15060  
cgtcaaagaa ggcgacgttg acccggatg tgaacatccc catattcttc cgcagctgaa 15120  
gcagttggta aacatgcaa aatatgaact gtagtattgc gtcggggttc tcattgtggg 15180  
gtttgccatt gtcacgctc gcaccggcg acaaagatta gatgtacttc cgataatccg 15240  
tgctctcagc ctggccttc tcatatatt tcaggacctc tccgaccatg cgtgcggcgc 15300  
ggatcgggat cggcaggcgt tggttcatct gggctcaggtt ccagttgatc ttcgtaagag 15360

agaacacctc ctcggctaac tgcgccgagg tactatcgca ggatcgtctc gagcgytcgc 15420

<210> 2  
<211> 1182  
<212> DNA  
<213> Sphingopyxis sp.

<220>  
<221> Seq ID 2 (fumA)  
<222> (1)..(1182)

<300>  
<308> FJ426269  
<309> 2009-06-11  
<313> (1)..(1182)

<400> 2  
atgcggaacg tcagcgacaa ggcgccgccc cacgagcgc tcaccgtagt cgtcgaggca 60  
atgatcgttg gcacggccgc cttgatggtg cttggaatac agcccatcct tctcggcgcc 120  
cttgtagagg aggggcgtat tcccgccgag gggttgggat cggcggcaac ggtggaata 180  
ctggcgatcg cggcgggaac atgcatcgga cccgttctta tgaagacggg atatctgcgg 240  
gcgaaatgcy cggcactctg cttaatgctc gccgcaatca acttcggatt gacgttgccg 300  
ggtttcgatt tgccatcgtt ggcttgccga gcggcagcgg gagccctgga aggtctttcg 360  
ctcagcggcg cgatcctgat catgactcat aatcggcggc cggaccggct gagcggata 420  
tttctgggcy cgcagacgat accgcaggta atatctgctt atttgctccc gacggagatt 480  
attccgcgct gggggagcgc aggcggcttc acgatcctgg gcattctcgc ggcgatcgcc 540  
gcgatcggcy ctctgtgctt cgtcgatcgc gttgagctcg atccgacgac cgtaaacgac 600  
gacttgacgt ggtcaccgcy ggcgatcgtc atttcgatgg cggcattcgt tcaattctcg 660  
ggggtcggty ccgcatggag ctatctggag cgactggctg cgcagcacgg attttcggga 720  
gaaacgatcy gtatcgccat ttccgggagt ttgctttgcc aggtaggcgg ggcttgctg 780  
gccgcttggc tcggtgggcy ggtcggatat cgcttcgctt taatcgctgg gagcctgctt 840  
caggcgggca acgtgatcgc attggcggty gccgatcagc caagctggtt tatttccgct 900  
tcctgtgctt tcggcctgct ctggttgccg atgcagccct tccaaatccg ctctcgcgatc 960  
gcgatagata acagccggca gcttgctgta ctgctgacgc cgatcgccct cgtcggggtg 1020  
agcgcggggc ccttggtgct ctctcgcttt gccggggcga ccgacttgcy ctggatcttt 1080  
gtggggagtt cgacctggtt gctggccagc gcgcttctgt atctttgcyt ttctctgctt 1140  
caaccgcgcy gaaaggtgat cgctgaaacg gtggacgtat ga 1182

<210> 3  
<211> 393  
<212> PRT  
<213> Sphingopyxis sp.

<220>

Seite 9

<221> Seq ID 3 (Fuma)  
<222> (1)..(393)

<300>  
<308> FJ426269  
<309> 2009-06-11  
<313> (1)..(393)

<400> 3

Met Arg Asn Val Ser Asp Lys Ala Pro Pro His Glu Thr Leu Thr Val  
1 5 10 15

Val Val Ala Ala Met Ile Val Gly Thr Ala Ala Leu Met Val Leu Gly  
20 25 30

Ile Gln Pro Ile Leu Leu Gly Ala Leu Val Glu Glu Gly Arg Ile Pro  
35 40 45

Ala Glu Gly Leu Gly Ser Ala Ala Thr Val Glu Ile Leu Ala Ile Ala  
50 55 60

Ala Gly Thr Cys Ile Gly Pro Val Leu Met Lys Thr Gly Tyr Leu Arg  
65 70 75 80

Ala Lys Cys Ala Ala Leu Cys Leu Met Leu Ala Ala Ile Asn Phe Gly  
85 90 95

Leu Thr Leu Pro Gly Phe Asp Leu Pro Ile Val Ala Cys Arg Ala Ala  
100 105 110

Ala Gly Ala Leu Glu Gly Leu Ser Leu Ser Ala Ala Ile Leu Ile Met  
115 120 125

Thr His Asn Arg Arg Pro Asp Arg Leu Ser Gly Ile Phe Leu Gly Ala  
130 135 140

Gln Thr Ile Pro Gln Val Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Pro Thr Glu Ile  
145 150 155 160

Ile Pro Arg Trp Gly Ser Ala Gly Gly Phe Thr Ile Leu Gly Ile Leu  
165 170 175

Ala Ala Ile Ala Ala Ile Ala Ala Leu Cys Leu Val Asp Arg Val Glu  
180 185 190

Leu Asp Pro Thr Thr Val Asn Asp Asp Leu Gln Trp Ser Pro Ala Ala  
195 200 205

Ile Val Ile Ser Met Ala Ala Phe Val Gln Phe Ser Gly Val Gly Ala  
210 215 220

Ala Trp Ser Tyr Leu Glu Arg Leu Ala Ala Gln His Gly Phe Ser Gly  
225 230 235 240

Seite 10

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

<210> 4  
<211> 651  
<212> DNA  
<213> Sphingopyxis sp.

<220>  
<221> Seq ID 4 (fumb)  
<222> (1)..(651)

<300>  
<308> FJ426269  
<309> 2009-06-11  
<313> (1)..(651)

<400> 4  
atgacatcgc aggtcaagct tcgtagcgcg gcaaagcggc cgcgcagtcc taaaagcgag 60  
cgaggctcttg ctcgttacga gtccttgctt gatgcgaccg acaggctggt ggatgatcta 120  
gaccccgatc aggtcggctt ctatcagatt gcagaggaag cgggtgcctc accgtcgtcc 180  
gtctatcatt tctttccgac caaggaagtg gctcatctcg ctctgatgcg ccgctatctg 240  
gaggggctcc ggaatctcga cgcgatggaa gtcgacatcg gccagctcga aagctggcag 300

gacctgatga agttggatca gatcagggcg cgagactatt ataatagcca cccgcccccc 360  
 ctcaagcttc tgttcggcgg atatggcggg gtcgaggcca gaaagcttga cgagcgatac 420  
 tccgagaaa tctgagctc catgtatggc agatacaacg gcattttcca tatgccgcaa 480  
 atggagaatg aggctctcat gttcacgacg tgcttcgcaa ttctcgacgc ggtatgggccc 540  
 gtctccttc gccggttcgg tgaaattacg tctgattttc ttcggggagg gcaagcggct 600  
 tgcattgctt attgccgaca ctatctgccc gagcgaacgc catcagcgtg a 651

<210> 5  
 <211> 216  
 <212> PRT  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 5 (FumB)  
 <222> (1)..(216)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(216)

<400> 5

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

seite 12

Met Glu Asn Glu Ala Leu Met Phe Thr Ile Cys Phe Ala Ile Leu Asp  
                   165                                  170                                  175  
  
 Ala Val Trp Ala Val Ser Phe Arg Arg Phe Gly Glu Ile Thr Ser Asp  
                   180                                  185                                  190  
  
 Phe Leu Arg Glu Gly Gln Ala Ala Cys Ile Ala Tyr Cys Arg His Tyr  
                   195                                  200                                  205  
  
 Leu Pro Glu Arg Thr Pro Ser Ala  
           210                                  215

<210> 6  
 <211> 945  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 6 (fumC)  
 <222> (1)..(945)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(945)

<400> 6  
 gtggccagca agttcaactg tgagttactc gatctgcgat catttgttgc ggtgtatgaa 60  
 acgcaagatt ttagccacgc cgcgcggctt ctgaatcaat cgcagcccgc gctcagccgg 120  
 agaatccagc gcctcgagag tctcgtgggc ggtccgttgt tcgagcggac cagtcggtcg 180  
 cttgccgaaa cggcgctcgg caaagagttg ctcccggtcg cccaccgagc gttggaactt 240  
 gtcgatacgt cgctgtttgc gtcgccaat gtccgggagt tccgctggac agacatcacg 300  
 attgcctgtg tacagaccgc cgccttccat gttctcccgc gagctgcgcg cttgtacatg 360  
 gatcaaaatc cgaggggtccg actccgcata cttgacgtgc cggcggtcga ggctgcggac 420  
 ctggttgca gcggcgaggc ggagttcggc atcagcattg agagcctgtt gccatcaagc 480  
 ctgcggttcg atgcgtcca cgaggaccgc ttcggcctgg catgccaccg aagccatccg 540  
 ctggcgtcgc tcgagatcct tgaatggacg caattgaaag gtgaaagcct gatcgccttt 600  
 caccgtgcga gccggaaccg cacgttgctc gatgccgaac tcgcgcgcaa caatatcgcg 660  
 ctggaatggc ggtatgaggt cgcgcatctg acgacggcgc tgggattgat cgatgcgcaa 720  
 ttgggtgtcg ctgttatgcc ccgcatggtt atgccccgct cgggtcggtc ggaggtcgtc 780  
 tggcgccccg tcgtcgcgcc ggtcgtccaa cgcacgatcg gcatcgttca gcgccgcacc 840  
 ggctcgatgc accctgccgc acagcaattg cttgcggcgc tccgcgcggc ctggtcgtcc 900  
 gccaatctgg gcgacatcgc gtctcgcgaa gatggggcat cgtga 945

<210> 7

<211> 314  
 <212> PRT  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 7 (FumC)  
 <222> (1)..(314)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(314)

<400> 7

Val Ala Ser Lys Phe Asn Cys Glu Leu Leu Asp Leu Arg Ser Phe Val  
 1 5 10 15

Ala Val Tyr Glu Thr Arg Ser Phe Ser His Ala Ala Arg Leu Leu Asn  
 20 25 30

Gln Ser Gln Pro Ala Leu Ser Arg Arg Ile Gln Arg Leu Glu Ser Leu  
 35 40 45

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

Ala Leu Gly Lys Glu Leu Leu Pro Val Ala His Arg Ala Leu Glu Leu  
 65 70 75 80

Val Asp Thr Ser Leu Phe Ala Ser Pro Asn Val Arg Glu Phe Arg Trp  
 85 90 95

Thr Asp Ile Thr Ile Ala Cys Val Gln Thr Ala Ala Phe His Val Leu  
 100 105 110

Pro Arg Ala Ala Arg Leu Tyr Met Asp Gln Asn Pro Arg Val Arg Leu  
 115 120 125

Arg Ile Leu Asp Val Pro Ala Val Glu Ala Ala Asp Leu Val Ala Ser  
 130 135 140

Gly Glu Ala Glu Phe Gly Ile Ser Ile Glu Ser Leu Leu Pro Ser Ser  
 145 150 155 160

Leu Arg Phe Asp Ala Leu His Glu Asp Pro Phe Gly Leu Ala Cys His  
 165 170 175

Arg Ser His Pro Leu Ala Ser Leu Glu Ile Leu Glu Trp Thr Gln Leu  
 180 185 190

Lys Gly Glu Ser Leu Ile Ala Val His Arg Ala Ser Arg Asn Arg Thr  
 195 200 205

Leu Leu Asp Ala Glu Leu Ala Arg Asn Asn Ile Ala Leu Glu Trp Arg  
 210 215 220

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

Leu Gly Val Ala Val Met Pro Arg Met Val Met Pro Arg Ser Gly Arg  
 245 250 255

Ser Glu Val Val Trp Arg Pro Val Val Ala Pro Val Val Gln Arg Thr  
 260 265 270

Ile Gly Ile Val Gln Arg Arg Thr Gly Ser Met His Pro Ala Ala Gln  
 275 280 285

Gln Leu Leu Ala Arg Leu Arg Ala Ala Trp Ser Ser Ala Asn Leu Gly  
 290 295 300

Asp Ile Ala Ser Arg Glu Asp Gly Ala Ser  
 305 310

<210> 8  
 <211> 1623  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 8 (fumd)  
 <222> (1)..(1623)

<300>  
 <308> F1426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(1623)

<400> 8  
 gtgaaagagc accaatgccg tggcggccgg gcgtcccccg ctgcgcccgc cacgtggctt 60  
 gcgcgatca gcgtttcccg gggggcctcc gccatgcctt ggaccttcat gcttggcgca 120  
 actgccattc ccgtggctgc gcaaactgac gatccgaagc tcgttcgtca taccagtcg 180  
 ggcgccgtcg agggcgtcga gggcgacgtc gagacttttt tgggaatacc cttcgcggct 240  
 ccgccggtcg gcgacctgcg atggcggccg ccggctccgc cgagggcggtg ggcgggcacc 300  
 agggacggcc gccgctttgc gcccgattgc atcgggaacg agcggcttag agaggggagc 360  
 cgggctgccg ggacgagcga agaactgcctc tatctgaata tctggtctcc caaacaggtc 420  
 ggtaaggggg ggctccccgt catgatctgg gtttacggcg gtgggttag cggcggttct 480  
 ggcgcggtgc catattatga cggctctgcg ctcgcgcaga agggcgtggt ggtcgtcacg 540  
 ttcaactatc gcgccgggat tctgggcttt cttgccatc cggcgctttc aaaggaaagt 600  
 ccgaatggcg tgtcgggcaa ctatggtctt ctcgacatgc tcgcggcggtt caaatgggtt 660  
 cagaacaaca taagggagtt cggcggagac ccgaaccgtg tcacggctctt tggcgagtcc 720

```

gccggcgcga gcgcgctcgg actgctcctg acctcgccgc tcagtgagag cgccttcaat 780
caggcgatac tgcaaagtcc gggctctggcc aggccgctcg ccacgctttc tgaaagcgaa 840
gcgaatgggc tggagctggg agccgatatt tctgctctac ggcgtgccga tgcgggcgaa 900
ttgacgaaga tcgcgcaatc gcgaataccc atgtcgcgcc agttcaccaa gccgcggccg 960
atgggtccga ttctggacgg ctatgttttg cgcacccttg acgtcgatgc cttcgccaag 1020
ggggccttcc gcaagatacc cgttctggtc ggcggaaacg ccgacgaagg gcgcgctttt 1080
acggatcgcc tgccggtcaa aacggtcctt gaatatcgag cctatctcac agaacaattt 1140
ggtgacgagg cggacgcatg ggagcgttgt tatcccgcga actccgacgc cgacgtcccc 1200
gccgccgttg cccgtctttt tggggatagt cagttcaaca acgggatcga gctgctctcg 1260
gcagccttcg cgaaatggcg aacgccgctt tggagatata gctttacggg cattccagga 1320
gccggccgtc gccccgccac gcatggagac gaaattccct atgtcttcgc aaatctgggg 1380
ccgtcgtccg tatctatggt tgggtcgcctc gaaggcggcg ccggggcgtc ggacatcaaa 1440
cttgcgaccg aatgtccgc ggctgggtg agcttcgcgg tgcacggggg ccccgatcag 1500
ggcacgaaat cgcactggcc gcgcttcgag cggcgagggg agatcatgac ttttggttcg 1560
caggttggtc ctggggaagg tcttgaggt tcgccgagca aagcctgccca accctcaaaa 1620
tag 1623
  
```

```

<210> 9
<211> 540
<212> PRT
<213> Sphingopyxis sp.
  
```

```

<220>
<221> Seq ID 9 (FumD)
<222> (1)..(540)
  
```

```

<300>
<308> FJ426269
<309> 2009-06-11
<313> (1)..(540)
  
```

```
<400> 9
```

```

Val Lys Glu His Gln Cys Arg Gly Gly Arg Ala Ser Pro Ala Ala Pro
1 5 10 15
  
```

```

Ala Thr Trp Leu Ala Arg Ile Ser Val Ser Arg Gly Ala Ser Ala Ile
20 25 30
  
```

```

Ala Trp Thr Phe Met Leu Gly Ala Thr Ala Ile Pro Val Ala Ala Gln
35 40 45
  
```

```

Thr Asp Asp Pro Lys Leu Val Arg His Thr Gln Ser Gly Ala Val Glu
50 55 60
  
```

```

Gly Val Glu Gly Asp Val Glu Thr Phe Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ala
65 70 75 80
  
```

seite 16

Pro Pro Val Gly Asp Leu Arg Trp Arg Pro Pro Ala Pro Pro Arg Ala  
85 90 95

Trp Ala Gly Thr Arg Asp Gly Arg Arg Phe Ala Pro Asp Cys Ile Gly  
100 105 110

Asn Glu Arg Leu Arg Glu Gly Ser Arg Ala Ala Gly Thr Ser Glu Asp  
115 120 125

Cys Leu Tyr Leu Asn Ile Trp Ser Pro Lys Gln Val Gly Lys Gly Gly  
130 135 140

Leu Pro Val Met Ile Trp Val Tyr Gly Gly Gly Phe Ser Gly Gly Ser  
145 150 155 160

Gly Ala Val Pro Tyr Tyr Asp Gly Ser Ala Leu Ala Gln Lys Gly Val  
165 170 175

Val Val Val Thr Phe Asn Tyr Arg Ala Gly Ile Leu Gly Phe Leu Ala  
180 185 190

His Pro Ala Leu Ser Lys Glu Ser Pro Asn Gly Val Ser Gly Asn Tyr  
195 200 205

Gly Leu Leu Asp Met Leu Ala Ala Phe Lys Trp Val Gln Asn Asn Ile  
210 215 220

Arg Glu Phe Gly Gly Asp Pro Asn Arg Val Thr Val Phe Gly Glu Ser  
225 230 235 240

Ala Gly Ala Ser Ala Leu Gly Leu Leu Leu Thr Ser Pro Leu Ser Glu  
245 250 255

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

Leu Ala Thr Leu Ser Glu Ser Glu Ala Asn Gly Leu Glu Leu Gly Ala  
275 280 285

Asp Ile Ser Ala Leu Arg Arg Ala Asp Ala Gly Glu Leu Thr Lys Ile  
290 295 300

Ala Gln Ser Arg Ile Pro Met Ser Arg Gln Phe Thr Lys Pro Arg Pro  
305 310 315 320

Met Gly Pro Ile Leu Asp Gly Tyr Val Leu Arg Thr Leu Asp Val Asp  
325 330 335

Ala Phe Ala Lys Gly Ala Phe Arg Lys Ile Pro Val Leu Val Gly Gly  
340 345 350

Asn Ala Asp Glu Gly Arg Ala Phe Thr Asp Arg Leu Pro Val Lys Thr  
 355 360 365  
 Val Leu Glu Tyr Arg Ala Tyr Leu Thr Glu Gln Phe Gly Asp Glu Ala  
 370 375 380  
 Asp Ala Trp Glu Arg Cys Tyr Pro Ala Asn Ser Asp Ala Asp Val Pro  
 385 390 395 400  
 Ala Ala Val Ala Arg Leu Phe Gly Asp Ser Gln Phe Asn Asn Gly Ile  
 405 410 415  
 Glu Leu Leu Ser Ala Ala Phe Ala Lys Trp Arg Thr Pro Leu Trp Arg  
 420 425 430  
 Tyr Arg Phe Thr Gly Ile Pro Gly Ala Gly Arg Arg Pro Ala Thr His  
 435 440 445  
 Gly Asp Glu Ile Pro Tyr Val Phe Ala Asn Leu Gly Pro Ser Ser Val  
 450 455 460  
 Ser Met Phe Gly Ser Leu Glu Gly Gly Ala Gly Ala Ser Asp Ile Lys  
 465 470 475 480  
 Leu Ala Thr Glu Met Ser Ala Ala Trp Val Ser Phe Ala Val His Gly  
 485 490 495  
 Val Pro Asp Gln Gly Thr Lys Ser His Trp Pro Arg Phe Glu Arg Arg  
 500 505 510  
 Gly Glu Ile Met Thr Phe Gly Ser Gln Val Gly Ser Gly Glu Gly Leu  
 515 520 525  
 Gly Val Ser Pro Ser Lys Ala Cys Gln Pro Ser Lys  
 530 535 540  
 <210> 10  
 <211> 1503  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.  
 <220>  
 <221> Seq ID 10 (fumE)  
 <222> (1)..(1503)  
 <300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(1503)  
 <400> 10  
 ttggagtttc gccgagcaaa gcctgccaac cctcaaaata gcgcccggcc tgtgctgtct 60

```

tcagcacgcc gtcccgcttt gcgggcgacg ggctgtgccc tctgcctaga aggaagtaag 120
ttgCGctacg acgtcgcgat aattggaggt ggcaacgctg cattgacggc agccgtgacg 180
gcgcgtgaag cgggggcctc ggttcttgTG atcgagcatg cgccgcgcgc catgcgcggc 240
ggcaacagtc gtcacacacg caatatgCGt acgatgcacg aacgtcccct gtcgcccgtg 300
accggtgaat attcggcgga cgaatattgG aatgatcttg tccgcgtcac gggggggcgc 360
accgacgaag aactcgcgcg gctcgttatc cgcaacacca cgcacgetat tcccttcatg 420
acgcgctgcg gtgtgcgttt ccagccctcg ctgtcgggca cgctgagttt atcgcgaacc 480
aacgcattct tccttggcgg cgggaaggcg cttgtaaacg catattacgc cacggccgaa 540
cggctaggcg tcgatattct ctatgattct gaggtgaccg agatcaacct tcagcaaggc 600
gtcgtgcagc gtctgcaatt gcgcagccgg ggattccctg tcgaagtgga agccaaggct 660
gccatcgcct cgtccggagg attccaggca aatcttgact ggctctcaag cgcattgggg 720
cctgctgcgg cgaacttcat cgtacggggc acgccatatg cgactggcac ggtgctcaag 780
aacctgttgg agcaaggcgt cgcctcggtg ggagatccaa cccaatgcca tgctgtcgcg 840
atcgatgggc gagcgcctaa atacgacggc ggcatcgtca cacgactgga ctgcgttccc 900
ttctcgatcg tcgtcaacaa ggacgccttg cgcttctacg atgaaggcga agatgtgtgg 960
ccgaagcgtt acgccatatg gggtcgcttg gtggcacagc agcctgatca gatcgtttc 1020
agcataatcg atcggcaggc cgaagacctc ttcatgccgt cagtgttccc ccccgtgcaa 1080
gcggacacga tcgcgggtct ggccgagaaa ctcggctcga atccccgtaac cctggaacgc 1140
acggtggccc aattcaacgc cgcattcgtg cccggcgaat tcggcggcca agatctcgac 1200
gacctcaca ccgagggaa cgaaccaaag aaatccaact gggcccgacc gattattgtg 1260
ccccgttca gcgcctatcc tctccggccc gggatcacct tcacctatct cggcgtcaag 1320
gtagacagcc gtgcgcgggt catcatggag acaggtgagc cgacaaaaaa cctgtttgct 1380
tcgggggaaa taatggcggg cagcattctc ggccaagggt atctcgtcgg atttggaaTG 1440
gcgattggtc ccgtattcgg ccgcatcgcg ggttgggagg ccgcacgtca tgcaggattt 1500
tga 1503
  
```

```

<210> 11
<211> 500
<212> PRT
<213> Sphingopyxis sp.
  
```

```

<220>
<221> Seq ID 11 (FumE)
<222> (1)..(500)
  
```

```

<300>
<308> FJ426269
<309> 2009-06-11
<313> (1)..(500)
  
```

```

<400> 11
  
```

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

Pro Thr Gln Cys His Ala Val Ala Ile Asp Gly Arg Ala Pro Lys Tyr  
 275 280 285

Asp Gly Gly Ile Val Thr Arg Leu Asp Cys Val Pro Phe Ser Ile Val  
 290 295 300

Val Asn Lys Asp Ala Leu Arg Phe Tyr Asp Glu Gly Glu Asp Val Trp  
 305 310 315 320

Pro Lys Arg Tyr Ala Ile Trp Gly Arg Leu Val Ala Gln Gln Pro Asp  
 325 330 335

Gln Ile Ala Phe Ser Ile Ile Asp Arg Gln Ala Glu Asp Leu Phe Met  
 340 345 350

Pro Ser Val Phe Pro Pro Val Gln Ala Asp Thr Ile Ala Gly Leu Ala  
 355 360 365

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

Phe Asn Ala Ala Cys Val Pro Gly Glu Phe Gly Gly Gln Asp Leu Asp  
 385 390 395 400

Asp Leu His Thr Glu Gly Ile Glu Pro Lys Lys Ser Asn Trp Ala Arg  
 405 410 415

Pro Ile Ile Val Pro Pro Phe Ser Ala Tyr Pro Leu Arg Pro Gly Ile  
 420 425 430

Thr Phe Thr Tyr Leu Gly Val Lys Val Asp Ser Arg Ala Arg Val Ile  
 435 440 445

Met Glu Thr Gly Glu Pro Thr Lys Asn Leu Phe Ala Ser Gly Glu Ile  
 450 455 460

Met Ala Gly Ser Ile Leu Gly Gln Gly Tyr Leu Ala Gly Phe Gly Met  
 465 470 475 480

Ala Ile Gly Thr Val Phe Gly Arg Ile Ala Gly Trp Glu Ala Ala Arg  
 485 490 495

His Ala Gly Phe  
 500

<210> 12  
 <211> 1173  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> seq ID 12 (fumF)

seite 21

<222> (1)..(1173)

<300>

<308> FJ426269

<309> 2009-06-11

<313> (1)..(1173)

<400> 12

```

atgcaggatt ttgatctcgt aaaaatgctg tctgacttgc cgctcggcgc ggagctggaa      60
gccaggcgcg ttatggaggt gtgcaacgcg tgccgctatt gcgaagggtt ctgcgcggta      120
tttctgcaa tgacctgca gcgtcatttc gccagcggcg atctcagcca cctcgcgaat      180
ctctgccact cgtgccaagg ttgctattac gcctgccaat acgcccctcc gcatgagttc      240
ggaataaacg ttccaaaggc gctgtcggag ttgctggctc agagctacga gcagcatgct      300
tggccccggc cggtcgccgc tctctatcgc aagaatgcgc tcatcatttc catcttctcg      360
gcggcatgca taaccggcgt cttctgctt gccgccatct tcaacgggga tgcacttttc      420
gcgaaacacg catcggtgcc cggcggcggg ttttacaacg ttattcctta tcaggcgatg      480
attgccgtcg cggcgaccac atttctttat tccgcgctgg cgctggcgat cagtctcggt      540
cgcttttcgc ggacgatcgg tctgggaatt aaggttcttt atcagcacgt gccggttctt      600
cgggcgctac gcgatgcggc gactctgca tatctcggcg gcagcgacgg cgaggggtgt      660
aacgacgcgg acgagacatt ttcgacgacc cggcgaaaat ttcacacgc ccttgccat      720
ggcttcggac tttgtttcgc ggccacagcc acgggcacga tctacgatca tatgttcggc      780
tggccggcgc cctatgcgct tttcagcttg ccggtcgtcc tagggaccgt tggggggatc      840
ggaatggctc tgggcgcgat cggcctactc tggtcaagc tggccggcga agacgctcct      900
cgatcaccgg cactgcttgg gccggatggt gccctgttgg tgcttctgct tgccatagcg      960
gcaacgggcc tcctcctttt agcgggtccgc agcaccgaag tcatggcgt cgcgctcgcc      1020
gtccatctcg gcgtcgtctt ggccttcttt ttggtgatgc catacagcaa attgtccac      1080
ggtatcttca ggtcacggc tctcgtcgc catcatgctg accgcgaggc aagtaatggc      1140
ttcgcctcca gccctcccac gaaaaagggt taa                                  1173
  
```

<210> 13

<211> 390

<212> PRT

<213> Sphingopyxis sp.

<220>

<221> Seq ID 13 (FumF)

<222> (1)..(390)

<300>

<308> FJ426269

<309> 2009-06-11

<313> (1)..(390)

<400> 13

```

Met Gln Asp Phe Asp Leu Val Lys Met Leu Ser Asp Leu Pro Ser Ala
1           5           10           15
  
```

seite 22

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

Leu Leu Trp Leu Lys Leu Ala Gly Glu Asp Ala Pro Arg Ser Pro Ala  
 290 295 300

Leu Leu Gly Pro Asp Val Ala Leu Leu Val Leu Leu Leu Ala Ile Ala  
 305 310 315 320

Ala Thr Gly Leu Leu Leu Ala Val Arg Ser Thr Glu Val Met Gly  
 325 330 335

Val Ala Leu Ala Val His Leu Gly Val Val Leu Ala Phe Phe Leu Val  
 340 345 350

Met Pro Tyr Ser Lys Phe Val His Gly Ile Phe Arg Leu Thr Ala Leu  
 355 360 365

Val Arg His His Ala Asp Arg Glu Ala Ser Asn Gly Phe Ala Ser Ser  
 370 375 380

Pro Pro Thr Lys Lys Gly  
 385 390

<210> 14  
 <211> 1296  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 14 (fumG)  
 <222> (1)..(1296)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(1296)

<400> 14  
 atggaacata tgaagtccgt tcgcgatcgc agtagcgtca tgcagatcgt gagagtggcg 60  
 agtggcaact gtctcgagca atatgatttc ttcgtttacg gcttctatgc ggcataatatt 120  
 gcgagaagct tttttccgac cggcgataac gcgacatcgc tcatgcttcc attggccact 180  
 tttggcgtg gtttctcat gaggcccttg ggggcgattt ttctcgggtc ctacatcgat 240  
 cgcgtcgggc gtcggaaagg cctgatcgtg aactcgcga tcatggccgt cggaaccctc 300  
 accattgca tgactccaag ctatgaggca attggattac tcgcaccggt tatcgtgctc 360  
 gtcgggagac ttttgcaggg tttttccgct ggagcagagt cgggtggcgt ctcaagtgtac 420  
 ttggcgaaa ttgcgtcgcc caaatcgaga ggcttcttca cctcgtggca gtctgccagc 480  
 cagcaggtgg ccgctatgat cgccgccgag atcggctctg cgctgcaatc aacgctttca 540  
 ccggagcaaa tgaacgactg gggatggcgg gtgcccttgt tgatecggatg cttgattatc 600  
 cccgtgatac tctggctcgc ccggtctctc ccggaacga aagcctatct ccacatggag 660

cacaaggcgc attcgatcgg cgaatccctc cgcgaattgc aacagagctg ggggctgatc 720  
 ttgacgggca tggcgatgtc gatcctcacg acgaccacct ttacatgat taccgcctat 780  
 acgccgacat ttggcgagaa agcactcggg ctgagcccgc aagatgtcct gctgggtacc 840  
 atcatggctg gcgtgtcgaa cttcctgtgg cttccgatcg ggggtgctct ctcggatcgt 900  
 atcggtagaa ccccgatcct actggtcgtg ccggtcaccg ttctcgccat cgcctttccc 960  
 ctgatgagct ggctcgtcgc ggcaccgaca ttcggagcgc ttgcagctgt tctgctgact 1020  
 ttctccgat gctttggact ctataatggg gcgctcatcg cgagactcac cgagattatg 1080  
 cctcccgcca ttagaacctc tggtttctcg ctggcgttca gtctcgcgac ctcgctgttc 1140  
 ggcggcttca cccatttgtt aagtacggcg ctaatccacg cgacgggcag caattccgcg 1200  
 cctgcaatct ggctctgttt tgcggctttc atcagcttcg tcggtgtggc cgcacgacc 1260  
 cggctgagcc ggccaatcgc cgaaggcgcc agatag 1296

<210> 15  
 <211> 431  
 <212> PRT  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 15 (FumG)  
 <222> (1)..(431)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(431)

<400> 15

Met Glu His Met Lys Ser Val Arg Asp Arg Ser Ser Val Met Gln Ile  
 1 5 10 15

Val Arg Val Ala Ser Gly Asn Cys Leu Glu Gln Tyr Asp Phe Phe Val  
 20 25 30

Tyr Gly Phe Tyr Ala Ala Tyr Ile Ala Arg Ser Phe Phe Pro Thr Gly  
 35 40 45

Asp Asn Ala Thr Ser Leu Met Leu Ser Leu Ala Thr Phe Gly Ala Gly  
 50 55 60

Phe Leu Met Arg Pro Leu Gly Ala Ile Phe Leu Gly Ser Tyr Ile Asp  
 65 70 75 80

Arg Val Gly Arg Arg Lys Gly Leu Ile Val Thr Leu Ala Ile Met Ala  
 85 90 95

Val Gly Thr Leu Thr Ile Ala Met Thr Pro Ser Tyr Glu Ala Ile Gly  
 100 105 110

seite 25

Leu Leu Ala Pro Val Ile Val Leu Val Gly Arg Leu Leu Gln Gly Phe  
115 120 125

Ser Ala Gly Ala Glu Ser Gly Gly Val Ser Val Tyr Leu Ala Glu Ile  
130 135 140

Ala Ser Pro Lys Ser Arg Gly Phe Phe Thr Ser Trp Gln Ser Ala Ser  
145 150 155 160

Gln Gln Val Ala Val Met Ile Ala Ala Ala Ile Gly Leu Ala Leu Gln  
165 170 175

Ser Thr Leu Ser Pro Glu Gln Met Asn Asp Trp Gly Trp Arg Val Pro  
180 185 190

Leu Leu Ile Gly Cys Leu Ile Ile Pro Val Ile Leu Trp Leu Arg Arg  
195 200 205

Ser Leu Pro Glu Thr Lys Ala Tyr Leu His Met Glu His Lys Ala His  
210 215 220

Ser Ile Gly Glu Ser Leu Arg Glu Leu Gln Gln Ser Trp Gly Leu Ile  
225 230 235 240

Leu Thr Gly Met Ala Met Ser Ile Leu Thr Thr Thr Thr Phe Tyr Met  
245 250 255

Ile Thr Ala Tyr Thr Pro Thr Phe Gly Glu Lys Ala Leu Gly Leu Ser  
260 265 270

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

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

Pro Ile Leu Leu Val Val Pro Val Thr Val Leu Ala Ile Ala Phe Pro  
305 310 315 320

Leu Met Ser Trp Leu Val Ala Ala Pro Thr Phe Gly Ala Leu Ala Ala  
325 330 335

Val Leu Leu Thr Phe Ser Ala Cys Phe Gly Leu Tyr Asn Gly Ala Leu  
340 345 350

Ile Ala Arg Leu Thr Glu Ile Met Pro Pro Ala Ile Arg Thr Leu Gly  
355 360 365

Phe Ser Leu Ala Phe Ser Leu Ala Thr Ser Leu Phe Gly Gly Phe Thr  
370 375 380

Pro Leu Val Ser Thr Ala Leu Ile His Ala Thr Gly Ser Asn Ser Ala  
 385 390 395 400

Pro Ala Ile Trp Leu Cys Phe Ala Ala Phe Ile Ser Phe Val Gly Val  
 405 410 415

Ala Ala Ser Thr Arg Leu Ser Arg Pro Ile Ala Glu Gly Ala Arg  
 420 425 430

<210> 16  
 <211> 1071  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> seq ID 16 (fumH)  
 <222> (1)..(1071)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(1071)

<400> 16  
 atgagagcag tagtttaccg aaatggcgaa cttgtcctgg gggcctatgc tgatccgata 60  
 cccgccgccg ggcaggtgct cgtcaagacc agagcatgcg gcatctgcgg atctgacctt 120  
 catttttgcg atcatgcgca ggcgtttacg aaccttgcac cgcgggcggg tatcgcctct 180  
 atggaagttg atttgtgctg agacatcgtt ctggggcatg aattctgtgg cgagattatg 240  
 gagttcgggc cctctgcgga tcgtcgcttc aaaccggac agcttgtgtg ctcgctgccg 300  
 ctggcgatcg gtccgaccgg agcgcggacg attggctact cggatgagta tcccggcggg 360  
 ctcggcgaat atatggtcct cacggaagcg ctcttgtgct ctgttccgaa cggccttccg 420  
 ggcacctgcg cggcgttgac ggagccgatg gcggtgggat ggcattgccg cgagatcgcg 480  
 caggttcaac cacatcacat ccctgtggtg atcgggtgcg gaccggtcgg gttggcagtc 540  
 gtcgctgccc tgaaacataa gcaagttgct ccgattattg cgtcggatcc atcgcccgat 600  
 cggcgtgctc ttgctctgcg gatgggcgcc gacgccgttg tcgatccgcg cgaagaatca 660  
 ccccttcgcc aggccgagaa gatcgcacgc ccggtcggac aagggtggggc cctgtccagc 720  
 tcattgctgt caaagtctca aatgatattc gaatgcgtag gggtgccggg catgcttcgg 780  
 catgcatgag acggcgcgct cgacgggtcc gagatcatgg tcgttgccgc atgcatgcag 840  
 ccggacgcga tcgagcccat gatcgggatg tttaaagcgc tcacgatcaa attctcgca 900  
 acttacacgg gtgaggaatt cgccgcggtg cttcacatga taggtgaggg cgcactcgac 960  
 gtatctccgc tcgttaccga tgtgattggc ctgtccgatg tcccgtccgc gtttgaggct 1020  
 ctacggagtc caggcggcca agcaaaagtg attgtggacc cttggcgctg a 1071

<210> 17  
 <211> 356  
 <212> PRT

<213> Sphingopyxis sp.

<220>

<221> Seq ID 17 (FumH)

<222> (1)..(356)

<300>

<308> FJ426269

<309> 2009-06-11

<313> (1)..(356)

<400> 17

Met Arg Ala Val Val Tyr Arg Asn Gly Glu Leu Val Leu Gly Ala Tyr  
1 5 10 15

Ala Asp Pro Ile Pro Ala Ala Gly Gln Val Leu Val Lys Thr Arg Ala  
20 25 30

Cys Gly Ile Cys Gly Ser Asp Leu His Phe Cys Asp His Ala Gln Ala  
35 40 45

Phe Thr Asn Leu Ala Ser Arg Ala Gly Ile Ala Ser Met Glu Val Asp  
50 55 60

Leu Cys Arg Asp Ile Val Leu Gly His Glu Phe Cys Gly Glu Ile Met  
65 70 75 80

Glu Phe Gly Pro Ser Ala Asp Arg Arg Phe Lys Pro Gly Gln Leu Val  
85 90 95

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

Tyr Ser Asp Glu Tyr Pro Gly Gly Leu Gly Glu Tyr Met Val Leu Thr  
115 120 125

Glu Ala Leu Leu Leu Pro Val Pro Asn Gly Leu Pro Ala Thr Cys Ala  
130 135 140

Ala Leu Thr Glu Pro Met Ala Val Gly Trp His Ala Val Glu Ile Ala  
145 150 155 160

Gln Val Gln Pro His His Ile Pro Val Val Ile Gly Cys Gly Pro Val  
165 170 175

Gly Leu Ala Val Val Ala Ala Leu Lys His Lys Gln Val Ala Pro Ile  
180 185 190

Ile Ala Ser Asp Pro Ser Pro Asp Arg Arg Ala Leu Ala Leu Arg Met  
195 200 205

Gly Ala Asp Ala Val Val Asp Pro Arg Glu Glu Ser Pro Phe Arg Gln  
210 215 220

seite 28

Ala Glu Lys Ile Ala Arg Pro Val Gly Gln Gly Gly Ala Leu Ser Ser  
 225 230 235 240

Ser Leu Leu Ser Lys Ser Gln Met Ile Phe Glu Cys Val Gly Val Pro  
 245 250 255

Gly Met Leu Arg His Ala Met Asp Gly Ala Ser Asp Gly Ser Glu Ile  
 260 265 270

Met Val Val Gly Ala Cys Met Gln Pro Asp Ala Ile Glu Pro Met Ile  
 275 280 285

Gly Met Phe Lys Ala Leu Thr Ile Lys Phe Ser Arg Thr Tyr Thr Gly  
 290 295 300

Glu Glu Phe Ala Ala Val Leu His Met Ile Gly Glu Gly Ala Leu Asp  
 305 310 315 320

Val Ser Pro Leu Val Thr Asp Val Ile Gly Leu Ser Asp Val Pro Ser  
 325 330 335

Ala Phe Glu Ala Leu Arg Ser Pro Gly Ala Gln Ala Lys Val Ile Val  
 340 345 350

Asp Pro Trp Arg  
 355

<210> 18  
 <211> 1269  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 18 (fumI)  
 <222> (1)..(1269)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(1269)

<400> 18  
 atggcgaacg gaacaaggca gaaagatctc agagaacgcg ccgaacgggt cattccgggc 60  
 gggatgtacg gccacgagtc gacacggttg ctgccgccag aattcccca gttcttcagg 120  
 cgcgcgctgg gggcacgaat ttgggacgcc gacgagcagc cctatatcga ctatatgtgc 180  
 gcgtatgggc caaatttgct cggttaccgg caatccgaaa tcgaagccgc ggctgatgcg 240  
 cagcgacttc tcggcgacac catgaccggt ccttcggaga tcatgggtaa cctcggcga 300  
 gcctttgtgg gcatgggccg tcatgcccgt tgggcgatgt tctgcaaaaa tggcagcgat 360  
 gccacctcaa cggcgatggt tctcgcgcgt gcccatcagg ggcgcaaac catattatgc 420

gccaaaggcg cctatcatgg cgcttccccg tggaacactc cgcatactgc cgggattctc 480  
 gcttccgatc gcgtgcatgt cgcataattat acctataacg acgccc aaag cttatcggac 540  
 gcgttcaagg cgcacgatgg cgatattgcg gctgtctttg ccacaccttt ccgacacgaa 600  
 gtatttgagg accaggccct cgcccagctt gagttcgcgc gcaccgctcg aaaatgttgt 660  
 gacgagaccg gtgcgcttct ggtcgttgac gatgtgcgcg caggtttccg ggtggcgcgc 720  
 gattgcagct ggacgcattt gggatcga cccgatctca gttgctgggg aaaatgcttt 780  
 gcgaatggct atccgatctc cgccctgctg ggctcgaaca aggcgcgcga tgcggcgcgg 840  
 gatataattg tgaccggctc cttctggttc tctgcggtac cgatggcggc cgcgatcgaa 900  
 accctcagga tcattcagaga gacgccttat ctcgaaacgc tgatcgcag cggcgcggcc 960  
 ctgcgggcag gcctggaggc acagtctcag cgccatggtc ttgagttgaa gcagacgggc 1020  
 ccggcgcaga tgccgcaaat attctttgcg gacgatcccg attttcggat cggctatgcg 1080  
 tgggccgcgg cgtgcctgaa gggcggcgtc tatgttcac cctatcaca tatgtttctc 1140  
 tctgcggccc atacagttga cgatgtaacg gagaccctcg aggcgacgga tcgcgcgctc 1200  
 agcgcggtcc tcagagattt tgcgtctctc cagcctcacc ccattttaat gcaactcggc 1260  
 ggtgcttga 1269

<210> 19  
 <211> 422  
 <212> PRT  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 19 (FumI)  
 <222> (1)..(422)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(422)

<400> 19

Met Ala Asn Gly Thr Arg Gln Lys Asp Leu Arg Glu Arg Ala Glu Arg  
 1 5 10 15

Val Ile Pro Gly Gly Met Tyr Gly His Glu Ser Thr Arg Leu Leu Pro  
 20 25 30

Pro Glu Phe Pro Gln Phe Phe Arg Arg Ala Leu Gly Ala Arg Ile Trp  
 35 40 45

Asp Ala Asp Glu Gln Pro Tyr Ile Asp Tyr Met Cys Ala Tyr Gly Pro  
 50 55 60

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

Gln Arg Leu Leu Gly Asp Thr Met Thr Gly Pro Ser Glu Ile Met Val  
85 90 95

Asn Leu Ala Glu Ala Phe Val Gly Met Val Arg His Ala Asp Trp Ala  
100 105 110

Met Phe Cys Lys Asn Gly Ser Asp Ala Thr Ser Thr Ala Met Val Leu  
115 120 125

Ala Arg Ala His Thr Gly Arg Lys Thr Ile Leu Cys Ala Lys Gly Ala  
130 135 140

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

Ala Ser Asp Arg Val His Val Ala Tyr Tyr Thr Tyr Asn Asp Ala Gln  
165 170 175

Ser Leu Ser Asp Ala Phe Lys Ala His Asp Gly Asp Ile Ala Ala Val  
180 185 190

Phe Ala Thr Pro Phe Arg His Glu Val Phe Glu Asp Gln Ala Leu Ala  
195 200 205

Gln Leu Glu Phe Ala Arg Thr Ala Arg Lys Cys Cys Asp Glu Thr Gly  
210 215 220

Ala Leu Leu Val Val Asp Asp Val Arg Ala Gly Phe Arg Val Ala Arg  
225 230 235 240

Asp Cys Ser Trp Thr His Leu Gly Ile Glu Pro Asp Leu Ser Cys Trp  
245 250 255

Gly Lys Cys Phe Ala Asn Gly Tyr Pro Ile Ser Ala Leu Leu Gly Ser  
260 265 270

Asn Lys Ala Arg Asp Ala Ala Arg Asp Ile Phe Val Thr Gly Ser Phe  
275 280 285

Trp Phe Ser Ala Val Pro Met Ala Ala Ala Ile Glu Thr Leu Arg Ile  
290 295 300

Ile Arg Glu Thr Pro Tyr Leu Glu Thr Leu Ile Ala Ser Gly Ala Ala  
305 310 315 320

Leu Arg Ala Gly Leu Glu Ala Gln Ser Gln Arg His Gly Leu Glu Leu  
325 330 335

Lys Gln Thr Gly Pro Ala Gln Met Pro Gln Ile Phe Phe Ala Asp Asp  
340 345 350

Pro Asp Phe Arg Ile Gly Tyr Ala Trp Ala Ala Ala Cys Leu Lys Gly  
355 360 365

Gly Val Tyr Val His Pro Tyr His Asn Met Phe Leu Ser Ala Ala His  
370 375 380

Thr Val Asp Asp Val Thr Glu Thr Leu Glu Ala Thr Asp Arg Ala Phe  
385 390 395 400

Ser Ala Val Leu Arg Asp Phe Ala Ser Leu Gln Pro His Pro Ile Leu  
405 410 415

Met Gln Leu Ala Gly Ala  
420

<210> 20  
<211> 2835  
<212> DNA  
<213> Sphingopyxis sp.

<220>  
<221> Seq ID 20 (fumJ)  
<222> (1)..(2835)

<300>  
<308> FJ426269  
<309> 2009-06-11  
<313> (1)..(2835)

<400> 20  
atgtatcgga agttcagaat cgaaaagccc ggcaaggcaa atagtttgct cggcgcagta 60  
gcgctcggca ccctcgcatt tctgtctct gccagtgctc aggatagcga tcccgcacgc 120  
ataggctcagc cggacgaagc ggacacggac cggggaacga gcgaaatcgt cgtgaccggc 180  
agccgcctcc agaacggctt caattcgccg acgccggtta cagccgtatc cagcgcagcag 240  
ttgaaggagg catctccgac caacctgccc gacgcactca accagctgcc cgtgttcaac 300  
gacagcttga agacctcaa ccctggcacg acacccggaa cggggaacag cggtcagaac 360  
ctgctcaaca tgcgcggcct cgggtcaaac cggaacctcg tcctgctgaa cggcaaccgt 420  
ttcgtcgcga ccaatttcac aggctcggtc gatatcaacg tgctgccgca ggcgttggtc 480  
aagcgcgctg atgtcgtgac gggcggcgcc tcggccgctt acggttccga tgccgtttcg 540  
ggcgtcatca acttcgtgct cgacgaagat ctggaaggca tcagggccga gctccagtcg 600  
ggtgtttcaa cccgcggcga cctcccgtcc tacggcggtt cgatcgctt cggcacttcg 660  
tttgccgacg accggttgca cttgctcggc agcttcgaat attttcgaca ggacggaatc 720  
cgggccgatg aagcaacggg tcgccgctgg ttcgacatcg ccgccggcca atatcccgtg 780  
cccggcgcta cgacaggcgt cacggctgtg cccgatattc gcagttctcg cggatcctac 840  
ggcggacttg tcacgtccgg ccctctgaaa ggcacgcgt tttgcccgg aggagtcta 900  
gggaccttcg actacgggaa ttttacgagc tcgtcgttcc agagcggcgg cgatggaccg 960

cgcgtgaata tcggcttcgc cccggatcag ctccgctaca acgcgttcct acgcgccgca 1020  
 tatgatgtgt ccgacactgt gcagggtgat gcggagggca cctatgctta ttcccacacc 1080  
 aacctgggtg cattcgtaat atcgcgatgc ggtggctcga ataatttccg gatcttccgt 1140  
 gataacgect tccttccggc tccactcgcg acgctcatgg acagaaatgc ccaggcttcg 1200  
 atcgttgtcg gtcgcttctc aagcgacttt ccttgggtcg aaatcgagaa ttctgcaaag 1260  
 gtctaccgcg gcgctgccgg cttccgggca gacattggca atggctggaa actcgatggc 1320  
 tcggcctcct ttggccttac ggacctcgag ctccgtgaaa acaatctcac catcaaccgc 1380  
 aatctctacg ccgccgtcga tgcggtccgc gatcccgcgg gcaatatcgt ctgccgttca 1440  
 aactggccg gcctcgacca agattgcgtg ccgctcaatc tcttcggcac aggctcggcg 1500  
 agcgcgtcgg ccatcgacta tgtcaccgct gatggcgtcg ctcagctgag gcttgagcaa 1560  
 tatgtggcgg gactcacgat ttccggcgac ctcggcgata gcctgtcgtt cggcgcgggc 1620  
 ccggtctcgg tcgccgctgg tatcgaatat cgcaaggaga aggcccgga ggaaaccgac 1680  
 gcgatatcgc aggcgacgac ctcgatcacg ggaatcaggg gggctccggc ggcgcaggca 1740  
 ggtcggcctg gaggcttcaa tctctacaac ccacttccct tctcgggaag ctatgacatc 1800  
 aaggaagggt ttgtcgaaat cggcgtcccg attctgaagg acagcgcgct gggacgttcg 1860  
 ctgaacttaa acggcgccgt ccgatatgcc gattacagcc agtccggtgg agtaacaacc 1920  
 tggaaactgg gcggagaata tgagccgatc gacggcctca ggttccgcgc gacccgttcg 1980  
 cgagatatcc gcgggccaag ccttgtcgag ctattcgacc ccggccgtca ggcgacgctc 2040  
 aattcaattt atggcggaca ggctgtgcag acgcggttct ttaccgccgg caacgcggat 2100  
 ttgcgccctg aaaaggcgga cgtccttaca ttcggcgcgg tgctacgccc cgccttcgtg 2160  
 ccgggggttc agtttccggt cgatcgctat gtggtgaagg tgaagggcgc gatcgatttc 2220  
 ctccttcccc agcaggaaat cgacgcgtgc gatgcaggaa acaccttctt ctgcgacctc 2280  
 ataacggaga atccggacgg caccatcaca gtgacgggtc ccaatctcaa cctggctgtc 2340  
 cagaaagcgg cgggaattga cttcgaggcc tattactcac gccccgtcgg cgcgcccacg 2400  
 ttcagtcttc gtgcgtcggc aacgcacat acctctgcct atcgcacgc gaccggtcgc 2460  
 gcgcccattc gttcgtcgg acaaccggac acgcaaaaat ggtcggccaa cttccaggcg 2520  
 cgatattcga ccgacgattg ggcgcttctc gtgcagcagc gcttcatcgc agcatcggtg 2580  
 ttcaatgccg acaatgtgga gggcgtcgat acgaatttga accacgctcc ggcggtttgg 2640  
 tacaccgacg cgacattgac cttcgacatc gcggcttttg gccagaagca gcagctgttt 2700  
 ctatcgggtca ataatttgtt cgaccgagat ccgccaatag cgacgaacga ccccagcagt 2760  
 ttttccagcc cgaccagctc tgcctatgat ccggtcggcc gctattttaa tgtcggggtc 2820  
 cgtttccgga tctga 2835

<210> 21  
 <211> 944  
 <212> PRT

<213> Sphingopyxis sp.

<220>

<221> Seq ID 21 (FumJ)

<222> (1)..(944)

<300>

<308> FJ426269

<309> 2009-06-11

<313> (1)..(944)

<400> 21

Met Tyr Arg Lys Phe Arg Ile Glu Lys Pro Gly Lys Ala Asn Ser Leu  
1 5 10 15

Leu Gly Ala Val Ala Leu Gly Thr Leu Ala Phe Pro Val Ser Ala Ser  
20 25 30

Ala Gln Asp Ser Asp Pro Ala Ser Ile Gly Gln Pro Asp Glu Ala Asp  
35 40 45

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

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

Leu Lys Glu Ala Ser Pro Thr Asn Leu Ala Asp Ala Leu Asn Gln Leu  
85 90 95

Pro Val Phe Asn Asp Ser Leu Lys Thr Ser Asn Pro Gly Thr Thr Pro  
100 105 110

Gly Thr Gly Asn Ser Gly Gln Asn Leu Leu Asn Met Arg Gly Leu Gly  
115 120 125

Ser Asn Arg Asn Leu Val Leu Leu Asn Gly Asn Arg Phe Val Ala Thr  
130 135 140

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

Lys Arg Val Asp Val Val Thr Gly Gly Ala Ser Ala Ala Tyr Gly Ser  
165 170 175

Asp Ala Val Ser Gly Val Ile Asn Phe Val Leu Asp Glu Asp Leu Glu  
180 185 190

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

Pro Ser Tyr Gly Gly Ser Ile Ala Phe Gly Thr Ser Phe Ala Asp Asp  
210 215 220

Seite 34

Arg Leu His Leu Leu Gly Ser Phe Glu Tyr Phe Arg Gln Asp Gly Ile  
 225 230 235 240  
 Arg Ala Asp Glu Ala Thr Gly Arg Arg Trp Phe Asp Ile Ala Ala Gly  
 245 250 255  
 Gln Tyr Pro Val Pro Gly Ala Thr Thr Gly Val Thr Val Val Pro Asp  
 260 265 270  
 Ile Arg Ser Ser Arg Gly Ser Tyr Gly Gly Leu Val Thr Ser Gly Pro  
 275 280 285  
 Leu Lys Gly Ile Ala Phe Leu Pro Gly Gly Val Leu Gly Thr Phe Asp  
 290 295 300  
 Tyr Gly Asn Phe Thr Ser Ser Ser Phe Gln Ser Gly Gly Asp Gly Pro  
 305 310 315 320  
 Arg Val Asn Ile Gly Phe Ala Pro Asp Gln Leu Arg Tyr Asn Ala Phe  
 325 330 335  
 Leu Arg Ala Ala Tyr Asp Val Ser Asp Thr Val Gln Val Tyr Ala Glu  
 340 345 350  
 Gly Thr Tyr Ala Tyr Ser His Thr Asn Leu Gly Ala Phe Val Ile Ser  
 355 360 365  
 His Val Gly Gly Ser Asn Asn Phe Arg Ile Phe Arg Asp Asn Ala Phe  
 370 375 380  
 Leu Pro Ala Pro Leu Ala Thr Leu Met Asp Arg Asn Ala Gln Ala Ser  
 385 390 395 400  
 Ile Val Val Gly Arg Phe Ser Ser Asp Phe Pro Leu Val Glu Ile Glu  
 405 410 415  
 Asn Phe Ala Lys Val Tyr Arg Gly Ala Ala Gly Phe Arg Ala Asp Ile  
 420 425 430  
 Gly Asn Gly Trp Lys Leu Asp Gly Ser Ala Ser Phe Gly Leu Thr Asp  
 435 440 445  
 Leu Glu Leu Arg Glu Asn Asn Leu Thr Ile Asn Arg Asn Leu Tyr Ala  
 450 455 460  
 Ala Val Asp Ala Val Arg Asp Pro Ala Gly Asn Ile Val Cys Arg Ser  
 465 470 475 480  
 Thr Leu Ala Gly Leu Asp Gln Asp Cys Val Pro Leu Asn Leu Phe Gly  
 485 490 495

Seite 35

Thr Gly Ser Pro Ser Ala Ser Ala Ile Asp Tyr Val Thr Ala Asp Gly  
 500 505 510  
 Val Ala Gln Leu Arg Leu Glu Gln Tyr Val Ala Gly Leu Thr Ile Ser  
 515 520 525  
 Gly Asp Leu Gly Asp Ser Leu Ser Phe Gly Ala Gly Pro Val Ser Val  
 530 535 540  
 Ala Ala Gly Ile Glu Tyr Arg Lys Glu Lys Ala Arg Gln Glu Thr Asp  
 545 550 555 560  
 Ala Ile Ser Gln Ala Thr Thr Ser Ile Thr Gly Ile Arg Gly Ala Pro  
 565 570 575  
 Ala Ala Gln Ala Gly Arg Pro Gly Gly Phe Asn Leu Tyr Asn Pro Leu  
 580 585 590  
 Pro Phe Ser Gly Ser Tyr Asp Ile Lys Glu Gly Phe Val Glu Ile Gly  
 595 600 605  
 Val Pro Ile Leu Lys Asp Ser Ala Leu Gly Arg Ser Leu Asn Leu Asn  
 610 615 620  
 Gly Ala Val Arg Tyr Ala Asp Tyr Ser Gln Ser Gly Gly Val Thr Thr  
 625 630 635 640  
 Trp Lys Leu Gly Gly Glu Tyr Glu Pro Ile Asp Gly Leu Arg Phe Arg  
 645 650 655  
 Ala Thr Arg Ser Arg Asp Ile Arg Gly Pro Ser Leu Val Glu Leu Phe  
 660 665 670  
 Asp Pro Gly Arg Gln Ala Thr Leu Asn Ser Ile Tyr Gly Gly Gln Ala  
 675 680 685  
 Val Gln Thr Arg Phe Phe Thr Ala Gly Asn Ala Asp Leu Arg Pro Glu  
 690 695 700  
 Lys Ala Asp Val Leu Thr Phe Gly Ala Val Leu Arg Pro Ala Phe Val  
 705 710 715 720  
 Pro Gly Phe Gln Phe Ser Val Asp Arg Tyr Val Val Lys Val Lys Gly  
 725 730 735  
 Ala Ile Asp Phe Leu Leu Pro Gln Gln Glu Ile Asp Ala Cys Asp Ala  
 740 745 750  
 Gly Asn Thr Phe Phe Cys Asp Leu Ile Thr Glu Asn Pro Asp Gly Thr  
 755 760 765

Ile Thr Val Thr Gly Pro Asn Leu Asn Leu Ala Val Gln Lys Ala Ala  
 770 775 780  
 Gly Ile Asp Phe Glu Ala Tyr Tyr Ser Arg Pro Val Gly Gly Gly Thr  
 785 790 795 800  
 Phe Ser Leu Arg Ala Leu Ala Thr His His Thr Ser Ala Tyr Arg Ile  
 805 810 815  
 Ala Thr Gly Ser Ala Pro Ile Arg Ser Leu Gly Gln Pro Asp Thr Pro  
 820 825 830  
 Lys Trp Ser Ala Asn Phe Gln Ala Arg Tyr Ser Thr Asp Asp Trp Ala  
 835 840 845  
 Leu Leu Val Gln Gln Arg Phe Ile Ala Ala Ser Val Phe Asn Ala Asp  
 850 855 860  
 Asn Val Glu Gly Val Asp Thr Asn Leu Asn His Ala Pro Ala Val Trp  
 865 870 875 880  
 Tyr Thr Asp Ala Thr Leu Thr Phe Asp Ile Ala Ala Phe Gly Gln Lys  
 885 890 895  
 Gln Gln Leu Phe Leu Ser Val Asn Asn Leu Phe Asp Arg Asp Pro Pro  
 900 905 910  
 Ile Ala Thr Asn Asp Pro Ser Ser Phe Ser Ser Pro Thr Ser Ser Ala  
 915 920 925  
 Tyr Asp Pro Val Gly Arg Tyr Phe Asn Val Gly Val Arg Phe Arg Ile  
 930 935 940

<210> 22  
 <211> 417  
 <212> DNA  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 22 (fumK)  
 <222> (1)..(417)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(417)

<400> 22  
 atgCGcctca cgggCGgaga attattggca cgatgtttgg ccgtcgaagg cgtccggtat 60  
 gtcttcggcc tcatgtcgcc ggaggtggat ccgctcctgg ctgcgctcga agacaatggg 120  
 atattgttcg tcccgggtgcg gcacgaggcc gccgcagcct atatggccga gggcatttac 180

aagaccaccg gacaggtcgc cgcgattgtc acgaatccgg gtcccggtac ggcaaacctt 240  
 ctgcctggag tcgtgacggc acgccacgaa ggggttcctt tcgtcgcaat aacgtcccag 300  
 catcaacttg gtgtcgttta tccctgcacg ccaaaaacct ttcagggaca agaccagatc 360  
 gacctctttc gacccgcggt taaatggggc gcacccatct tcgcctggaa ccggatt 417

<210> 23  
 <211> 139  
 <212> PRT  
 <213> Sphingopyxis sp.

<220>  
 <221> Seq ID 23 (FumK)  
 <222> (1)..(139)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(139)

<400> 23

Met Arg Leu Thr Gly Gly Glu Leu Leu Ala Arg Cys Leu Ala Val Glu  
 1 5 10 15

Gly Val Arg Tyr Val Phe Gly Leu Met Ser Pro Glu Val Asp Pro Leu  
 20 25 30

Leu Ala Ala Leu Glu Asp Asn Gly Ile Leu Phe Val Pro Val Arg His  
 35 40 45

Glu Ala Ala Ala Ala Tyr Met Ala Glu Gly Ile Tyr Lys Thr Thr Gly  
 50 55 60

Gln Val Ala Ala Ile Val Thr Asn Pro Gly Pro Gly Thr Ala Asn Leu  
 65 70 75 80

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

Ile Thr Ser Gln His Gln Leu Gly Val Val Tyr Pro Cys Thr Pro Lys  
 100 105 110

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

Trp Gly Ala Pro Ile Phe Ala Trp Asn Arg Ile  
 130 135

<210> 24  
 <211> 1272  
 <212> DNA  
 <213> Caulobacter sp.

<220>  
 <221> Seq ID 24  
 <222> (1)..(1272)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11  
 <313> (1)..(1272)

<400> 24  
 atggaattga gccgccaacg agaccaggcc ttgagggagc gcgcccaagc ggtgatcccg 60  
 ggcgggatgt acggctacga gtcgacctat ctgatgcccg agggcacgcc acagttcttc 120  
 agtcgcggca aaggcgcccg actttgggac gccgacggca acgagtatgt cgattacatg 180  
 tgcgcctatg gcccacacct gctgggttac ggcttcaaac ccgtcgaagc ggccgcccga 240  
 gccagcaag cccggggcga taccctgacc gggccgtcgg aggtgatggt gcagttggcg 300  
 gaagacttcg tcgcgcaaat cagccacgcg gactgggcca tgttctgcaa gaacggcaca 360  
 gacgccacct caatggcgat ggtcatcgcg cgcgcacaca ccggccgga gacgatcctc 420  
 tgcgcgaaag gcgccatca tggggccgcg ccttgggtgca cgccgatcct ggccggaacg 480  
 ctaccggagg atcgcgcctt ttagtctac tacgactaca atgacgccc aagcctcgtc 540  
 gacgccttcg agggccatca ggacgacgtc gcggcgatct tcgccacccc tcaccgtcac 600  
 gagggtgttca gcgaccagat cgatcctgat ccggaatatg cggccagcgt gcgggcgctc 660  
 tgcgacaaga gcggcgccct gctcgtcgtc gacgaagttc gagccgggtt caggatcgcg 720  
 cgcgactgca gctgggccc a gatcggcgtc gctccggatc tgagcacctg gggcaagtgc 780  
 ttcgccaacg gctatccgat ctgcccgtc ctagggggcg aaaaggtgcg cagcgcggca 840  
 aaggccgtct acgtcaccgg ctcgttctgg ttctcgcca cgccatggc cgcagccgtc 900  
 gaaaccctga agcaaatccg cgagaccgac tatctcgagc ggatcaacgc ggccgggacc 960  
 cgctgcgcg agggcctgca gcagcaggct gtcacaacg gctttacgtt gcgccaacg 1020  
 gggcccgtct ccatgcccc a gtcctcttc gaggaagatc ccgattttcg ggtcggctac 1080  
 ggctgggttc gcgaatgctt gaagcgaggg gtgtacttca gcccctacca taacatgttc 1140  
 ctgtcggcgg cccatagcga ggcggacctg gccaaagacc ttgctgctac cggcgacgcc 1200  
 ttcgtcgagc tacgcgcca gcttccgagc ctagaatcc accaaccctt cctcgccttg 1260  
 agagcggcct aa 1272

<210> 25  
 <211> 423  
 <212> PRT  
 <213> Caulobacter sp.

<220>  
 <221> Seq ID 25  
 <222> (1)..(423)

<300>  
 <308> FJ426269  
 <309> 2009-06-11

<313> (1)..(423)

<400> 25

Met Glu Leu Ser Arg Gln Arg Asp Gln Ala Leu Arg Glu Arg Ala Gln  
1 5 10 15

Ala Val Ile Pro Gly Gly Met Tyr Gly His Glu Ser Thr Tyr Leu Met  
20 25 30

Pro Glu Gly Thr Pro Gln Phe Phe Ser Arg Gly Lys Gly Ala Arg Leu  
35 40 45

Trp Asp Ala Asp Gly Asn Glu Tyr Val Asp Tyr Met Cys Ala Tyr Gly  
50 55 60

Pro Asn Leu Leu Gly Tyr Gly Phe Glu Pro Val Glu Ala Ala Ala Ala  
65 70 75 80

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

Val Gln Leu Ala Glu Asp Phe Val Ala Gln Ile Ser His Ala Asp Trp  
100 105 110

Ala Met Phe Cys Lys Asn Gly Thr Asp Ala Thr Ser Met Ala Met Val  
115 120 125

Ile Ala Arg Ala His Thr Gly Arg Lys Thr Ile Leu Cys Ala Lys Gly  
130 135 140

Ala Tyr His Gly Ala Ala Pro Trp Cys Thr Pro Ile Leu Ala Gly Thr  
145 150 155 160

Leu Pro Glu Asp Arg Ala Phe Val Val Tyr Tyr Asp Tyr Asn Asp Ala  
165 170 175

Gln Ser Leu Val Asp Ala Phe Glu Ala His Gln Asp Asp Val Ala Ala  
180 185 190

Ile Phe Ala Thr Pro His Arg His Glu Val Phe Ser Asp Gln Ile Asp  
195 200 205

Pro Asp Pro Glu Tyr Ala Ala Ser Val Arg Ala Leu Cys Asp Lys Ser  
210 215 220

Gly Ala Leu Leu Val Val Asp Glu Val Arg Ala Gly Phe Arg Ile Ala  
225 230 235 240

Arg Asp Cys Ser Trp Ala Lys Ile Gly Val Ala Pro Asp Leu Ser Thr  
245 250 255

Trp Gly Lys Cys Phe Ala Asn Gly Tyr Pro Ile Ser Ala Val Leu Gly  
260 265 270

Gly Glu Lys Val Arg Ser Ala Ala Lys Ala Val Tyr Val Thr Gly Ser  
275 280 285

Phe Trp Phe Ser Ala Thr Pro Met Ala Ala Ala Val Glu Thr Leu Lys  
290 295 300

Gln Ile Arg Glu Thr Asp Tyr Leu Glu Arg Ile Asn Ala Ala Gly Thr  
305 310 315 320

Arg Leu Arg Glu Gly Leu Gln Gln Gln Ala Ala His Asn Gly Phe Thr  
325 330 335

Leu Arg Gln Thr Gly Pro Val Ser Met Pro Gln Val Leu Phe Glu Glu  
340 345 350

Asp Pro Asp Phe Arg Val Gly Tyr Gly Trp Val Arg Glu Cys Leu Lys  
355 360 365

Arg Gly Val Tyr Phe Ser Pro Tyr His Asn Met Phe Leu Ser Ala Ala  
370 375 380

His Ser Glu Ala Asp Leu Ala Lys Thr Leu Ala Ala Thr Gly Asp Ala  
385 390 395 400

Phe Val Glu Leu Arg Ala Lys Leu Pro Ser Leu Glu Ile His Gln Pro  
405 410 415

Leu Leu Ala Leu Arg Ala Ala  
420

## Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung eines Futtermittelzusatzes, **dadurch gekennzeichnet**, dass wenigstens eine Nukleinsäuresequenz von Genen entsprechend Sequenz ID-Nr. 1, 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22 und 24 vorgelegt wird, die wenigstens eine Nukleinsäuresequenz in prokaryotischen oder eukaryotischen Wirtszellen exprimiert wird und wenigstens ein Enzym entsprechend Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 und eine Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst oder ein kompletter, diese Sequenzen enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus hergestellt wird, wobei das wenigstens eine Enzym gegebenenfalls mit einem Cosubstrat vermischt wird.
2. Verfahren nach Anspruch 1, **dadurch gekennzeichnet**, dass das jeweilige Enzym mittels molekulargenetischer Methoden, Mutagenese oder molekularer Evolution so verändert wird, dass es wenigstens 90 % Sequenzidentität mit wenigstens einem der Enzyme mit der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21 und 25 sowie der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst aufweist.
3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Enzyme isoliert werden.
4. Verfahren nach Anspruch 1, 2 oder 3, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Enzyme in einer Schutzhülle verkapselt werden.
5. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 4, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Enzyme aus Permease mit der Sequenz ID-Nr. 3, Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, Tricarballylat-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 11, Citratverwertungsprotein mit der Sequenz ID Nr. 13, Alkohol-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 17, Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder der Sequenz ID-Nr. 25 oder Acetolactat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, gewählt werden.
6. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 5, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder mit der Sequenz ID-Nr. 25 mit einem Keton, insbesondere einer  $\alpha$ -Ketosäure als Cosubstrat vermischt wird.
7. Futtermittelzusatz, **dadurch gekennzeichnet**, dass wenigstens ein Enzym der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 und eine Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst oder wenigstens ein kompletter, diese Sequenzen enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus zur Produktion dieser Enzyme sowie gegebenenfalls zusätzlich wenigstens ein Cosubstrat für wenigstens eines der eingesetzten Enzyme und ein inerter Träger enthalten sind.
8. Futtermittelzusatz nach Anspruch 7, **dadurch gekennzeichnet**, dass ein Enzym, welches wenigstens 90 % Sequenzidentität mit einem Enzym der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 und der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst aufweist, enthalten ist.
9. Futtermittelzusatz nach Anspruch 7 oder 8, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Enzyme, durch molekulargenetische Methoden, Mutagenese oder molekulare Evolution veränderten Enzyme und/oder zu wenigstens 90 % identen Enzyme mit einer Schutzhülle ummantelt enthalten sind.
10. Futtermittelzusatz nach Anspruch 7, 8 oder 9, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Enzyme aus einer Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, Tricarballylat-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 11, einem Citratverwertungsprotein mit der Sequenz ID Nr. 13, Alkohol-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 17, Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder mit der Sequenz ID-Nr. 25 und/oder Acetolactat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, gewählt sind.

11. Futtermittelzusatz nach einem der Ansprüche 7 bis 10, **dadurch gekennzeichnet**, dass eine Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, eine Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder mit der Sequenz ID-Nr. 25, eine  $\alpha$ -Ketosäure als Cosubstrat und ein inerter Träger enthalten sind.
12. Verwendung eines Futtermittelzusatzes nach einem der Ansprüche 7 bis 11 zum sauerstoffunabhängigen bzw. anaeroben, enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin.

**Hierzu 2 Blatt Zeichnungen**

1/2

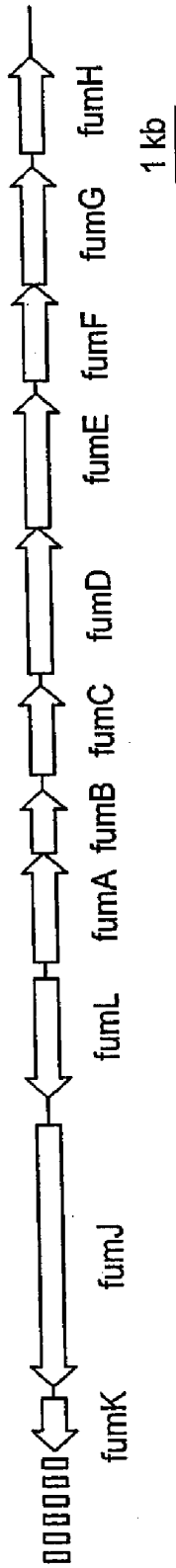


Fig. 1

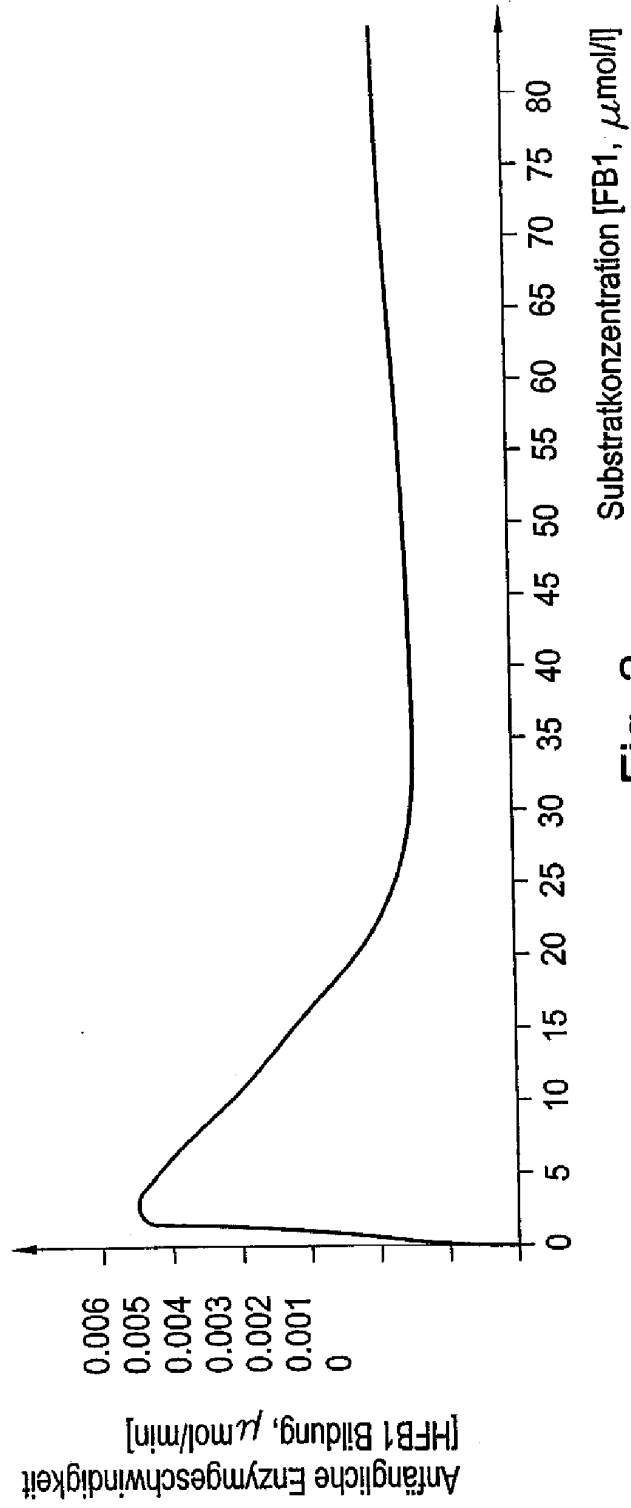


Fig. 2

2/2

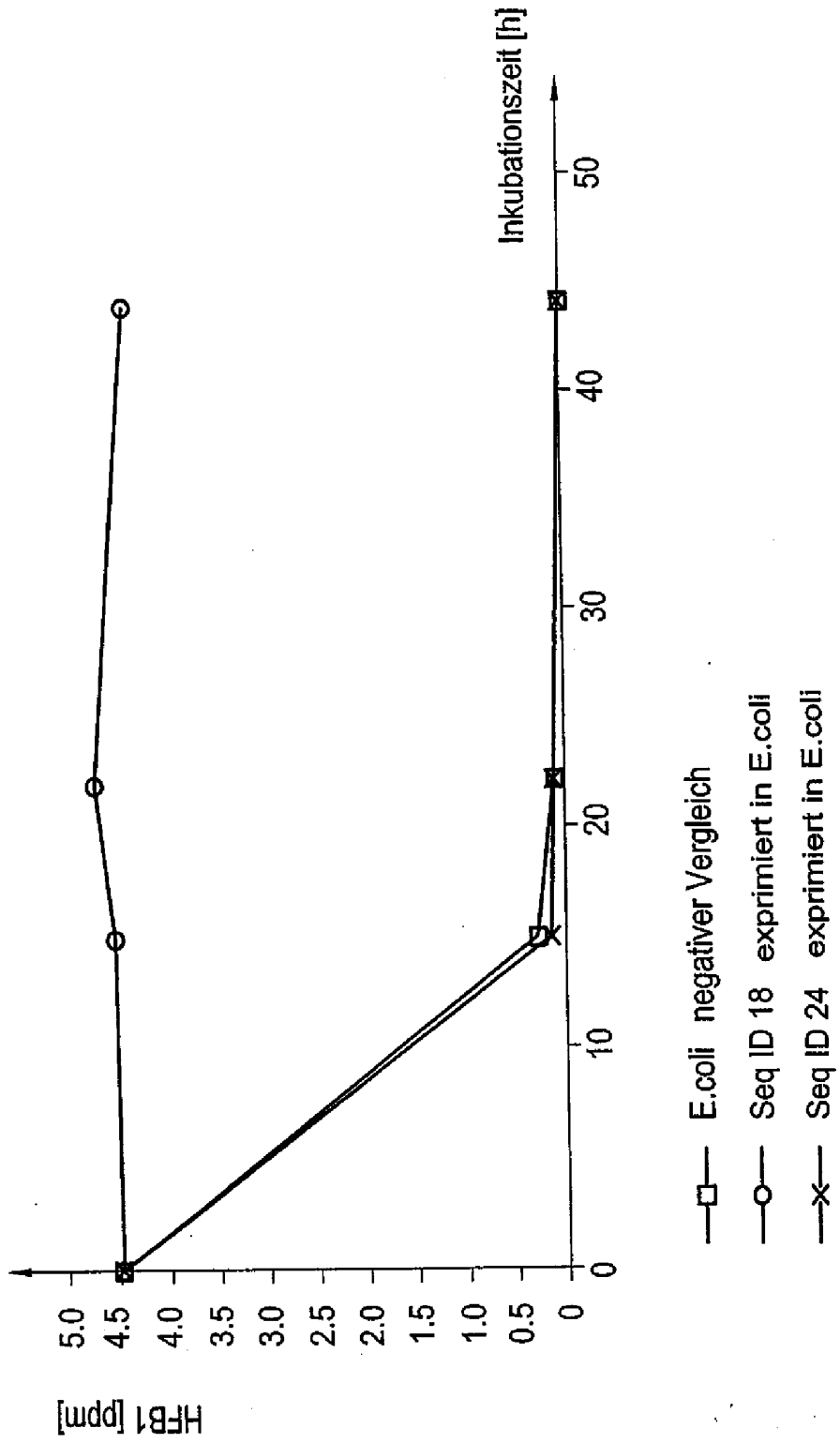


Fig. 3