

(12)

Patentschrift

(21) Anmeldenummer: A 8024/2009
(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 501/2008

(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)
GRIESSLER KARIN DIPL.ING.
POTTENBRUNN (AT)
BINDER EVA MARIA DR.
TULLN (AT)
SCHATZMAYR GERD DR.
TULLN (AT)

(54) **VERFAHREN ZUR HERSTELLUNG EINES ZUSATZSTOFFES FÜR DEN ENZYMATISCHEN ABBAU VON MYKOTOXINEN SOWIE ZUSATZSTOFF UND VERWENDUNG DESSELBEN**

(57) Bei einem Verfahren zur Herstellung eines Zusatzstoffes für den enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin, ist vorgesehen, 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, 23 und 25 oder wenigstens ein kompletter, rekombinanter Wirtsorganismus sowie gegebenenfalls gemeinsam mit einem Cosubstrat in einem pflanzlichen Rohstoff eingesetzt werden.

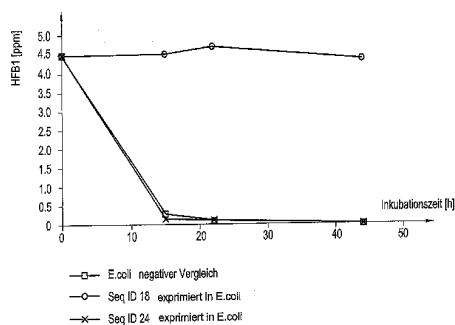


Fig. 3

Beschreibung

[0001] Die vorliegende Erfindung bezieht sich auf ein Verfahren zur Herstellung eines Zusatzstoffes für den enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin, in einem pflanzlichen Rohstoff, einen Zusatzstoff zum enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin, in einem pflanzlichen Rohstoff und Mischungen, die pflanzliche Rohstoffe enthalten, sowie eine Verwendung des Zusatzstoffes.

[0002] Mykotoxine treten auf landwirtschaftlichen, pflanzlichen 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 mit derartigen Nahrungsmitteln ernährten Tieren und Menschen, wobei derartige Schäden äußerst vielfältig sind. Es wurden bereits zahlreiche Methoden entwickelt, mit welchen versucht wird, derartige Mykotoxine zu entgiften bzw. abzubauen oder unschädlich zu machen, um durch die Mykotoxine verursachte Schäden in den Bereichen von tierischer und menschlicher Ernährung, der Tierzucht, Verarbeitung von Futter- und Lebensmitteln und dgl. hintanzuhalten.

[0003] Unter den bekannten Mykotoxinen existiert eine Vielzahl von untereinander strukturell verwandten Mykotoxinen, wie beispielsweise die Fumonisine, von welchen Fumonisin B1 das am häufigsten vorkommende Toxin der Gruppe ist. Jedoch sind zahlreiche Derivate und verwandte Moleküle bekannt, welche ebenfalls giftige Wirkungen bei Menschen und Tieren aufweisen. So ist es bekannt, dass die Fumonisine den Sphingolipidstoffwechsel durch eine Wechselwirkung mit dem Enzym Ceramidsynthase behindern. Sphingolipide sind nicht nur Bestandteil von Zellmembranen, sondern spielen auch eine wichtige Rolle als Signal- und Botenmoleküle in vielen elementaren, zellulären Prozessen, wie dem Zellwachstum, der Zellwanderung und Zellanbindung, bei entzündlichen Prozessen und intrazellulären Transportvorgängen. Aufgrund dieser Behinderung des Sphingolipidstoffwechsels werden Fumonisine für die giftige Wirkung auf unterschiedlichste Tierarten und auch für den Menschen verantwortlich gemacht. So konnte nachgewiesen werden, dass Fumonisine bei Nagetieren krebserregend wirken, und sie wurden durch epidemiologische Daten mit Speiseröhrenkrebs und dem Neuralrohrdefekt bei Menschen in Zusammenhang gebracht. Bei verschiedenen Tierarten, wie beispielsweise Schweinen, werden sie für die typische Toxikose durch Lungenödeme verantwortlich gemacht. Fumonisine sind in diesem Zusammenhang eine nahezu allgegenwärtige Kontamination auf verschiedensten Getreidearten und insbesondere auf Mais sowie auf Nüssen und Gemüse sind, ist dieser stark negative Effekt in Bezug auf die Gesundheit von Menschen und Tieren nicht vernachlässigbar.

[0004] Der mikrobielle Abbau von Fumonisin wurde bereits in der EP-A 1 860 954 bzw. der WO 2006/053357 beschrieben, gemäß welcher Mikroorganismen zur Entgiftung von Fumonisin und Fumonisinderivaten eingesetzt werden, bei welchen die detoxifizierenden Bakterien oder Hefen, gewählt aus genau definierten Stämmen zur Entgiftung von Fumonisin, Futtermitteln zugesetzt werden.

[0005] Auch wurden bereits katabolische Stoffwechselwege für den biologischen Abbau von Fumonisin und die hierfür verantwortlichen Gene und Enzyme beschrieben. So beschreibt beispielsweise die EP 0 988 383 Fumonisin entgiftende Zusammensetzungen und Verfahren, wobei die eingesetzten, Fumonisin abbauenden Enzyme in erster Linie in transgenen Pflanzen produziert werden, bei welchen die Entgiftung von Fumonisin 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 Sauerstoff unabhängigen 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 und Enzyme keinerlei Wirkung.

[0008] Die Erfindung zielt nun darauf ab, ein Verfahren zur Herstellung eines Zusatzstoffes für den enzymatischen Abbau von Mykotoxinen zur Verfügung zu stellen, mit welchem es gelingt, Mykotoxine und insbesondere Fumonisine sicher und zuverlässig zu toxikologisch unbedenklichen Substanzen abzubauen bzw. zu entgiften.

[0009] Zur Lösung dieser Aufgaben ist das erfindungsgemäße Verfahren derart geführt, 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, 23 und 25 oder wenigstens ein kompletter, diese Sequenzen enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus sowie gegebenenfalls gemeinsam mit einem Cosubstrat in einem pflanzlichen Rohstoff eingesetzt werden. 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 exprimieren, 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, 23 und 25 oder auch ein kompletter, diese Sequenzen enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus gewonnen werden können, wobei das wenigstens eine Enzym gegebenenfalls gemeinsam mit einem Cosubstrat auf einem zu behandelnden Rohmaterial eingesetzt wird. Mit einem nach einem derartigen Verfahren hergestellten Zusatzstoff gelingt es, einerseits beispielsweise Mykotoxine direkt auf dem Rohmaterial vollständig und zuverlässig abzubauen, wobei die spezifischen bei diesem Verfahren produzierten Enzyme den Abbau von Fumonisinen und von Zwischenprodukten des Abbauweges katalysieren, und andererseits Mykotoxine beispielsweise auch direkt bei der Bioethanolherstellung in der Maische für die Alkoholherstellung abzubauen oder auch bei der Herstellung von Nahrungsmitteln direkt in dem Herstellungsverfahren abzubauen bzw. unschädlich zu machen.

[0010] Als pflanzliche Rohstoffe werden hiebei Getreide bzw. Getreideprodukte, Gräser, Obst oder Gemüse sowie Zwischenprodukte welche diese Stoffe zu Herstellung von Nahrungs- oder Futtermittel enthalten, wie beispielsweise Silage, Obstmaische oder dgl. verstanden.

[0011] Als Zusatzstoffe werden vor allem Futtermittelzusätze, Nahrungsmittelzusätze sowie Zusätze zur Bioethanolherstellung verstanden.

[0012] 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. Schließlich können technologische Anwendungen der Detoxifizierung erzielt werden, da dieses Verfahren auch im größeren technischen Maßstab anwendbar ist, so dass mit dem erfindungsgemäßen Verfahren sicher und zuverlässig mykotoxinfreie Produkte hergestellt werden können.

[0013] Die in dem erfindungsgemäßen Verfahren eingesetzten Nukleinsäuresequenzen bzw. die mittels dieser Nukleinsäuresequenzen in prokaryotischen und eukaryotischen Wirtszellen exprimierten, in sauerstoffunabhängigem Milieu katalytisch wirkenden Enzyme sind nachfolgend aufgelistet.

Nukleinsäuren

Sequenzen:

>Seq ID 1 (*fum* (Fumonisin katabolismus) Gencluster, 15.420 bp)
TGTTCGGCGATCRGTAACTTCTACCGTGGTCTCGTTCGCCACAKCATACATCACAGACRTCGGGATTTCCTCAACTGAAC
GGGTCCCGGCTCGCGGCCACATTTCCCGAACCGCATATGGGTGATTTCGACAATCCGGTTCAGGCGAAGATGGGTG
CGCCCCATTTAACCGCGGGTCGAAAGAGGTGATCTGGTCTTGTCCCTGAAAGGTTTTTGGCGTGACAGGATAAACGACA
CCAAGTTGATGCTGGGACGTTATTCGACGAGGGAACCCCTTCGTGGCGTGCCGTACGACTCCAGGCAGAGGTTTGC
CGTACCGGGACCGGATTTCGTGACAATCGCGGCGACCTGTCCGGTGGTCTGTAAATGCCCTCGGCCATATAGGCTGCGG
CGGCCTCGTGCCGACCGGGACGAACAATATCCATTGTCTTCGAGCGCAGCCAGGAGCGGATCCACCTCCGGCGACATG
AGGCCGAAGACATACCGGACGCTTCGACGGCCAACATCGTGCCAATAATTCTCCGCCGTGAGGCGCATGACGATCTC
CAGTACGAAAGGTGAGTGCCAGGTTCCGGCACATTGCTGTGGTTAGTTGATGCGCTGATCGGCCAACCGACTGAGTGG
AGTTGGATGGCCGACCTTACCTGTGCGGCATAACTCTCAGATCCGGAACCGGACCCGACATTAAATAGCGGCCGAC
CGGATCATAGGCAGAGCTGGTCCGGCTGGAAAACTGCTGGGGTGGTTCGTGCTATTGGCGGATCTCGGTGCAACAAAT
TATTGACCGATAGAAACAGCTGCTGCTTCTGCGCAAAAGCGCGATGTGCAAGGTCAATGTCGCGTCCGTGTACCAAAC
GCCGAGCGTGTTCAAATTTCGTATCGACGCCCTCCACATTGTTCGGCATGAACACCGATGCTGCGATGAAGCGCTGCTG
CAGGAGAAGCGCCCAATCGTCCGTGCAATATCGCGCTGGAAGTTGGCCGACCAATTTGGCGTGTCGGTGTCCGAGCG
AACGATAGGCGCGCGAGCCGCTCGCATGCGATAGGCGAGGATGTTGGCTTGGCCAGCGACGAACTGAACGCTGCGG
CCGCGACCGGGCGTGAGTAATAGGCTCGAAGTCAATCCCGCGCTTCTGACAGCGAGGTTGAGATTGGGACCCGT
CACTGTGATGGTCCGTCGGATTCTCGTTATGAGGTGCGAGAAGAAGGTGTTTCTGTCATCGCAGCGCTCGATTTCTC
GCTGGGGAAGGAGAAATCGATCGCGCCCTTCACCTTCACCACATAGCGATCGACCGAAACTGAAACCCCGGCACGAAG
GCGGGCGTAGCACCGCGCGCAATGTAAGGACGTCGCTTTTCAGGGCGCAATCCGCGTTCGCCGCGGTAAAGAACC
CGTCTGCACAGCCTGTCCGCCATAAATTGAATTGAGCGTCGCTGACGGCCGGGTGCAATAGCTCGACAAGGCTTGGCC
CGCGGATATCTCGCAACGGGTGCGCGGAACCTGAGGCGCTCGATCGGCTCATATTCTCCGCCAGCTTCCAGGTTGTT
ACTCCACCGGACTGGCTGTAATCGGCATATCGACGCGCGCTTTAAGTTGAGCGAACGTCAGCGCGCTGTCTCTCAG
AATCGGGACGCGGATTTCGACAAACCTTCTTGTATGTCATAGCTTCCCGAGAAGGAAGTGGGTTGTAGAGATTGAAG
CTCCAGGCGACCTGCTGCGCCCGGAGCCCTTGATTCGCGTATCGAGGTCGTCGCTGCGATATCGCGTCGGTT
TCCTGCGGGCCCTTCTCCTTGCATATTGATACCGAGCGCGACCGAGACCGGGCCGCGCGCAACGACAGGCTATCGCC
GAGGTCGCGGAAATCGTGAGTCCCGCACATATTGCTCAAGCTCAGCTGAGCGACGCCATCAGCGGTGACATAGTCGA
TGGCCGACGCGCTCGCGAGCCTGTGCGAAGAGATTGAGCGGCACGCAATCTTGGTCGAGGCCGCGCAGTTGAAACGG
CAGACGATATTGCCCGCGGATCGCGGACCGCATCGACGGCGCGTAGAGATTGCGGTTGATGGTGAGATTGTTTTCACG
AAGCTCGAGGTCCTGAAGGCCAAAGGAGGCGAGCCATCGAGTTTCCAGCCATTGCAATGTCTGCCGGAAGCCGCGAG
CGCCGCGGTAGACCTTTGCGAAATTCTCGATTTCGACCAAGGGAAGTCGCTTGAGAAGCGACCGACAACGATCGAAGCC
TGGGCATTCTGTTCATGAGCGTCGCGAGTGGAGCCGGAAGGAGCGTTATCACGAAGATCCGGAATTTATTCGAGCC
ACCGACATGCGATATTACGAATGCACCCAGGTTGGTGTGGGAATAAGCATAGGTGCCCTCCGCATACACCTGCACAGTGT
CGGACACATCATATCGCGCGCGTAGGAACGCGTTGTAGCGAAGCTGATCCGGGCGAAGCCGATATTACGCGCGGTCCA
TCGCGCGCGCTCTGGAACGACGAGCTCGTAAATTTCCCGTAGTCGAAGGTCCTTAGGACTCTCCGGGCAAAACCGGAT
GCCTTTCAGAGGCGCGGACGTGACAAGTCCGCGTAGGATCCGCGAGAATCGCAATATCGGCGACGACCGTGACGCTG
TCGTAGCGCGCGGCGACGGGATATTGCGCGCGCGGATGTCGAACGAGCGCGACCGGTTGCTTCATCGGCCCGGATTCCG
TCCTGTGCAAAATATTGCAAGCTGCGCGAGCAAGTGCAACCGGTCGTGCGCAACGAAGTGCAGAGCGATCGAACC
GTAGGACGGGAGGTGCGCGCGGTTGAAACACCGGACTGGAGCTCGGCCCTGATGCCCTTCAGATCTTCGTGAGCAGCA
AGTTGATGACGCGCGAAACGGCATCGGAACCGTAGGCGGCGAGGCGCGCCCGTCACGACATCGACGCGCTTGACCAAC
GCCTGCGGCGACGCTTGATATCGACCGAGCCTGTGAATTTGGTTCGCGACGAAACGGTTGCGGTTACGACGAGCGGTT
CCGGTTTGACCCGAGGCGCGCATGTTGAGCAGGTTCTGACCGCTGTTCCCGGTTCCGGGTGTCGTGCCAGGTTGGAGG
TCTTCAAGCTGTGTTGAACACGGGCGAGCTGGTTGAGTGGTTCGCGCAAGGTTGGTTCGAGATGCCCTCTTCACTGCTCG
CTGGATACGGCTGTAACCGCGCTCGCGAATTGAAGCGGTTCTGGAGGCGGCTGCCGCTCACGACGATTTCTGCTCGTTCC
CCGGTCCGTGTCGCTTCTGTCGGCTGACCTATCGATCGGGATCGCTATCCTGAGCACTGGCAGAGACAGGAAATGCGA
GGGTGCCGAGCGCTACTGCGCGAGCAACTATTTGCCCTTGGCGGCTTTTCGATTCTGAACTTCCGATACATCTGCAGT
CCCTCCGCAATTGATAGGACTCCGTTTGAGTCCCTTGTCTTTCGACGCGCGCTGCTCACACCGTCCGGTCCGAGG
CTAAGCGTCGGGCTAAGGACCCGCAATTTGAACATCAATGCAATGATCGGAGGCTTCATTGCACTTCGCGCATAGACC
GGCGCGGTAGCTGAAAGTGCAATAATCAGGATTTGCTGAACAGTTGCGGCATGACGTCGGCATCGGCCACCGCGTT
GGCGCATCGACGTGCTTTTCGCGTCCGCGCCCTCAAGCACCGCGAGTTGCATTAAATGGGATGAGGCTGGAGAGAC
GCAAAATCTCTGAGGACCGCTGAACGCGGATCCGTCGCTCGAGGCTCTCCGTTACATCGTCAACTGTATGGGCGGC
AGAGAGAAACATATTGTATAGGATGAACATAGACGCGCCCTTCAGGACACGCGCGGCCACGATAGCGGATCCGAA
AATCGGATCGTCCGCAAGAAATATTGCGGCATGTCGCGCGGCGCGCTGCTTCAACTCAAGACCATGGCGCTGAGAC
TGTGCTCCAGGCTGCCCGCAGGCGCGCGCTGGCGATCAGCGTTTCGAGATAAGGCGTCTCTCGAATGATCCTGAG
GGTTTCGATCGCGCGCGCATCGGTACCGCAGAGAACGAGGAGCGGTCACAAATATATCCCGCGCGCATCGCGCG
CCTTGTTCGAGCCAGCAGGCGGAGATCGGATAGCCATTTCGCAAGCATTTTCCCGCAACTGAGATCGGGTTCCGATA
CCCAATGCGTCCAGCTGCAATCGCGCGCCACCGGAAACCTGCGCGCACATCGTCAACGACGAGAACGCGACCGGTTCTC
GTCAACAACATTTTCGAGCGGTGCGCGGAACTCAAGCTGGGCGAGGCGCTGGTCTCAAATACTTCGTGTGGAAGGTG
TGGCAAGACAGCGCAATATCGCCATCGTGGCTTGAACGCGTCCGATAAGCTTGGGCGTGTATTAGGTATAATAT
GCGACATGACGCGATCGGAAGCGAGAATCCCGCAGTATGCGGAGTGTCCACGGGGAAGCGCCATGATAGGCGCCTTT
GGCGCATAAATATGGTTTTGCGCCCCGTATGGGCACGCGCGAGAACCATCGCGTTGAGGTGGCATCGCTGCCATTTTTCG
AGAACATCGCCCAATCCGATGACGAGACATGCCCAAGGCTTCGCGGAGGTTGACCATGATCTCCGAAGGACCGGTC
ATGGTGTGCGCGAAGTTCGCTGCGCATCAGCGCGGCTTCGATTTCGATTGCGGTAACCGAGCAATTTGGCCCAT
CGCGCACATATAGTCGATATAGGGTCTGCTGTCGCGTCCCAATTCGTGCCCGAGCGCGCTGAAGAACTGGGGGA

ATTCTGGCGGCAGCAACCGTGTGACTCGTGGCCGTACATCCCGCCCGGAATGACCCGTTTCGGCGCGTTCTCTGAGATCT
TTCTGCCTTGTTCGGTTCGCATATATGCACCTCTCGCGATAAATAATGGGTAAAAATCCACGAAATTCACGATTCGTGA
TCTGAAAGAGATATATCTTGTAAATATACTGTATAATTATACACAATCGCGAATCGGACGACGGGATAGCGGGGACGGAG
GACGGGGAAATCTATCGCGAACGTGACGACAAGGCGCCGCCACGAGACGCTCACCGTAGTCGTGCGCGCAATGATCG
TTGGCACGGCGCCCTTGATGGTGTGGAATACAGCCCATCTTCTCGCGCCCTTTAGAGGAGGGGCGTATTCCCGCC
GAGGGGTTGGGATCGGCGGCAACGGTGGAAATCTGGCGATCGCGCGGGAACATGCATCGGACCCGTTCTTATGAAGAC
GGGATATCTCGGGGCAATGCGCGGCACTCTGCTTAATGCTCGCCGCAATCAACTTCGGATTGACGTTGCGGGGTTTCG
ATTTGCCCATCGTGGCTTGCAGCGCGCAGCGGGAGCCCTGGAAGGTCTTTCGCTCAGCGCGCGATCCTGATCATGACT
CATAATCGGCGCCCGACCGGCTGAGCGGAATATTTCTGGGCGCGCAGACGATACCGAGGTAATATCTGCTTATTGCT
CCCGACGAGATTATTCGCGCTGGGGGAGCGCAGGCGGCTTACGATCCTGGGCATTCTCGCGCGATCGCGCGATCG
CGGCTCTGTGCTCTGATCGCGTGTAGCTCGATCCGACGACCGTTAACGACGACTTGCACTGGTCACCCGCGCGATC
GTCATTTCTGATGGCGGCATTGCTCAATTTCTCGGGGTCGGTGCCGATGGAGCTATCTGGAGCGACTGGCTGCGCAGCA
CGGATTTTCGGGAGAAACGATCGGTATCGCCATTTCGGGAGTTTGCTTTGCCAGGTAGGCGGGGCTTGGCTGGCGGCT
GGATCGGTGGGCGGGTCGGATATCGCTTCGCTTAATCGCTGGGAGCCTGCTTCAGGCGGGCAACGTGATCGATTGGCG
CTGGCGGATCAGCCCAAGCTGTTTATTTCTGCTTCTGCTTTCGCTTTCGCGCTGTTCTGGTGGCGATGACGCCCTTCCAAAT
CGCTTCGCGATCGCGATAGATAACAGCGGCGAGCTTGCTGTACTGCTGACCGCGATCGCCCTCGTGGGTTGAGCGCG
GGCCCTTGTGCTCTCTCGCTTTGCCGGGCGCAGCGACTGCGCTGGATCTTTGTGGGAGTTTCGACCTTGTGCTGGCC
AGCGCCTTCTGTATCTTTGCGCTTCTCTGTTTCAACCGCGCGAAAGGTGATCGCTGAAACGGTGGACGTATGAAAG
ACGGATCGGGGTTTCGGATGACATCGCAGGTCAAGCTTCGTAGCGCGGCAAGCGCGCGCAGTCTTAAAGCGAGCGA
GGTCTTGCTCGTTACGAGTCTTGTGTTGATGCGACCGACAGGCTGTTGCTCGATCTAGACCCGATCAGGTCTGCTCTA
TCAGATTGCGAGGAAGCGGTTGCCCTACCGTCTGCTGATCTGCTGACCGCGATCGCCCTCGTGGGTTGAGCGCG
TGATGCGCGCTATCTGGAGGGGCTCCGGAATCTCGACGCGATGGAAGTCGACATCGGCGAGCTCGAAAGCTGGCAGGAC
CTGATGAAGTTGGATCAGATCAGGGCGCGAGACTATTATAATAGCCACCGCCCGCCCTCAAGCTTCTGTTTCGGCGGATA
TGGCGGGGTCGAGGCGAGAAAGCTTGACGAGCGATACTCCGAGGAAATCGTGAGCTCCATGTATGGCAGATACAACGGCA
TTTTCCATATGCCGCAATGGAGAATGAGGCTCTCATGTTTACGATCTGCTTCGCAATTCTCGACGCGTATGGGCGGTC
TCTTTTCGCGGTTTCGTTGAAATTACGTCGATTTTCTTTCGGGAGGGGCAAGCGGCTTGCAATTGCCATTGCGGACCTA
TCTGCGCGAGCGAACGCCATCAGCGTGAATCCGTTCAACGATATGACGGAATGTCGCTTGGGTTGAGTTGCGTTCTGAGT
TCGGTTCGTTAGGAGGCGCGGATAAACCACGCTCTTCTGTCGAAGGATGTCGCTGGTTCGACAGGCGCTGCGAA
GTCAGCGCAATCAACAGGCGAGATGTCACGTTGGCCAGCAAGTTCAACTGTGAGTTACTCGATCTGCGATCATTGTTG
CGGTGTATGAAACGCGAAGTTTTCAGCACGCGCGCGGCTTCTGAATCAATCGCAGCCCGGCTCAGCGGAGAAATCCAG
CGCTTCGAGAGTCTCGTGGGCGGTCCGTTGTTTCGAGCGGACGAGTCCGCTGCTTCCGAAACGCGCTCGGCAAGAGTT
GCTCCCGCTCGCCACCGAGCGTTGGAATCTGTCGATACGTCGCTGTTTTCGCTCGCCCAATGTCGGGAGTTCCGCTGGA
CAGACATCAGGATTGCTGTGTACAGACCGCGGCTTCCATGTTTCTCCGCGAGCTGCGCGCTTGATACATGGATCAAAAT
CCGAGGTCGCGACTCCGCTATCTGACGTGCGCGCGTTCGAGGTCGCGACCTGGTTGCGAGCGCGGAGGCGAGTTCCG
CATCAGCATTGAGAGCTGTTGCCATCAAGCTGCGGTTTCGATCGCTCCACGAGGACCGGTTTCGCGCTTGGCATGCCACC
GAAGCCATCCGCTGCGTCCGTCGAGATCTTGAATGGACGCAATGAAAGGTGAAAGCCTGATCGCCGTTACCGTTCG
AGCCGGAACCGCACGTTGCTCGATGCCGAATCGCGCGCAACAATATCGCGCTGGAATGGCGGTATGAGGTGCGCATCT
GACGACGCGCTGGGATTGATCGATGCGCAATGGGTGTCGCTGTTATGCCCGCATGGTTATGCCCGCTCGGGTCGCT
CGGAGTCTGTCGCGCGCCGTCGTCGCGCGGTCGTCACACGACGATCGGCATCGTTTCAGCGCGCACCGGCTCGATG
CACCTTCCGCGACAGCAATGCTTTCGCGGGCTCCGCGCGGCTGCTGTCGCGCAATCTGGGCGACATCGGCTCTGCGA
AGATGGGCGATCGTGACACGCTTCTATGCGCTGACGATCGATGCTCAGCATCATTGCAATTTGCTGAGAGACGAACGC
GAAGATACCGCTGGGTACAGGATATCAGTCCATCGAGGCGGGAGAGAAATGTGTGAAAGAGCACCAATGCCGTGGCGG
CGGCGTCCCCGCTGCGCCCGCACGTTGGCTTTCGCGGATCAGCGTTTCCCGGGGGCTCCGCCATCGCTTGACCTT
CATGCTTGGCGCAACTGCCATTCCGCTGGCTGCGCAACTGACGATCCGAAGCTCGTTCTCATACCCAGTCGGGCGCG
TCGAGGGGTCGAGGGGACGTCGAGACTTTTTTGGGAATACCTTTCGCGGCTCCGCGGTCGCGGACCTGCGATGGCG
CCGCGGCTCCGCGAGGGCGTGGGCGGACACGAGGACGCGCGCTTTCGCGCGATGTCATCGGGAACGAGCGGCT
TAGAGAGGGGACCGGGCTGCGGACGAGCGAAGACTGCTCTATCTGAATATCTGGTCTCCCAACAGGTGCGTAAGG
GGGGCTCCCGCTCATGATCTGGGTTTACGCGGTTGGGTTTACGCGGCTTTCGCGCGGTTGCGCATATTATGACGCTCT
GCGCTCGCGCAGAGGGCGTGGTGTGTCGCTTCACTATCGCGCGGATTCGGGCTTCTTGCCTATCCGCGCT
TTCAAAGGAAAGTCCGAATGGCGTGTGCGGCAACTATGGTCTTCTCGACATGCTCGCGGCTTCAAATGGGTTGAGAACA
ACATAAGGGAGTTCGCGGAGACCCGAACCGTGTACGCGCTTTCGCGAGTCCGCGCGGAGCGGCTCGGACTGCTC
CTGACCTCGCGCTCAGTGAGAGCGCTTCAATCAGGCGACTGCAAGTCCGGGTCGCGCAGGCGCTCGCCACGCT
TTCTGAAAGCGAAGCGAATGGGCTGGAGCTGGGAGCGGATATTTCTGCTTACGCGGTCGCGATGCGGGCGAATTGACGA
AGATCGCGCAATCGGAATACCATGTGCGCCAGTTACCAAGCGCGGCGGATGGGTCCGATTCTGGACGGCTATGTT
TTGCGCACCTTGACGTGATGCTTTCGCAAGGGGGCTTCCGCAAGATACCCGTTCTGGTTCGGCGAAACGCGGACGA
AGGGCGCGCTTTTACGGATCGCTGCGGTCGCTTGAATATCGAGCCTATCTCAGAGAACTTTGGTGACG
AGTCAGTTCAACAACGGGATCGAGCTGCTTCTCGGAGCTTTCGCAATGGCGAAGCGGCTTGGAGATATCGCTTAC
GGGCAATTCAGGAGCGGCGCTCGCCCCGCCACGATGGAGACGAATTCCTATGCTTTCGCAATCTGGGGCGCTCGT
CCGTATCTATGTTTGGGTCGCTCGAAGGCGGCGCGGGGCTCGGACATCAAACTTTCGACCGAAATGTCCGCGGCTG
GTGAGCTTTCGCGGTGACGCGGCTCCCGATCAGGCGACGAATTCGACTGGCGCGCTTCGAGCGGCGAGGGGAGATCAT
GACTTTTGGTTTCGAGTTGGCTCTGGGAAGGTCTTGGAGTTTCGCGGAGCAAAGCTGCCAACCTCAAAATAGCGCC
CGGCTGTGCGTTCGACGCGCTTTCGCGGAGCAATTCGCGGAGCAATTCGGAATGATCTTGTCCGCTCACGGGGGGCGCACCGA
CGAAGAACTCGCGCGCTCGTTATCCGCAACACCACGACGCTATCCCTTCATGACGCGCTGCGGTGTGCTTTCAGC
CCTCGCTGTGGGACCGCTGAGTTTATCGCAACCAACGATCTTCTTGGCGCGGGAAGGCGCTTGTAACGCGCATAT

TACGCCACGGCCGAACGGCTAGGCGTCGATATTCTCTATGATTCTGAGGTGACCGAGATCAACCTTCAGCAAGGCGTCGT
GCAGCGTCTGCAATTGCGCAGCCGGGATTCCCTGTGCAAGTGGGAAGCCAAGGCTGCCATCGCCTCGTCCGGAGGATTCC
AGGCAATCTTGACTGGCTCTCAAGCGCATGGGGGCTGCTGCGGCGAAGCTTCATCGTACGGGGCACGCCATATGCGACT
GGCAGCGTGCTCAAGAACTGTTGGAGCAAGGCGTCGCCTCGGTGGGAGATCAACCCAATGCCATGCTGTGCGCATCGA
TGGCGAGCGCCAAATACGACGGCGGCATCGTCACACGACTGGACTGCGTTCCTTCTCGATCGTCGTCAACAAGGACG
CCTTGGCTTCTACGATGAAGGCGAAGATGTGTGGCGGAAGCGTTACGCCATATGGGGTCGCTTGGTGGCACAGCAGCCT
GATCAGATCGCTTTCAGCAATATCGATCGGCAGGCCGAAGACCTCTCATGCCGTCAGTGTTCCCCCGGTGCAAGCGGA
CACGATCGCGGTCTGGCCGAGAACTCGGTCTGAATCCGTAACCTGGAACGCACGTTGGCCGAATTCACGCCCGCAT
GCGTGGCCGGCGAATTCGGCGGCCAAGATCTCGACGACCTCCACACCGAGGGAATCGAACCAAGAAATCAACTGGGCC
CGACCGATTATTGTGCCCGGCTCAGCGCCTATCCTCTCCGGCCCGGATCACCTTCACCTATCTCGGCGTCAAGGTAGA
CAGCGTGGCGGGTCATCATGGAGACAGGTGAGCGACAAAAAACCCTGTTGCTTCGGGGGAAATAATGGCGGGCAGCA
TTCTCGGCCAAGGTTATCTCGCTGGATTGGAAATGGCGATTGGTACCGTATTGGCCGCATCGCGGGTGGGAGGCCGCA
CGTCATGCAGGATTTGATCTCGTAAAAATGCTGTCTGACTTGGCGTGGCGCCGGAGCTGGAAGCCAGGCGCGTTATGG
AGGTGTGCACGCGTGCGCTATTGCGAAGGGTTCTGCGCGGTATTCTCTGCAATGACCTTGCAGCGTCATTTGCCAGC
GGCGATCTCAGCCACCTCGCAATCTCTGCCACTCGTGCAAGGTTGCTATTACGCTGCCAATACGCCCTCCGATGA
GTTCCGAATAAACGTTCCAAAGGCGCTGTGCGAGTTGCGGCTCGAGAGCTACGAGCAGCATGCTTGGCCCCGGCGGTGCG
CCGCTCTCTATCGCAAGAAATGCGCTCATCTTCCATCTTGTGCGCGCATGCATAACCGCGCTCCTTCTGCTTGGCGCC
ATCTTCAACGGGGATGCACCTTTTTCGCAACACGCATCGGTGCCCGCGCGGGTTTTACAACGTTATTCTTATCAGGC
GATGATTGCGGTGCGCGGCACCATTTCTTTATTCGCGCTGGCGCTGGCGATCAGTCTCGTTCGCTTTCGCGGACGA
TCGCTCTGGGAATTAAGGTTCTTATCAGCAGTGCCTGCTTCTCGGGCGCTACGCGATGCGGCGACTCTGCGATATCTC
GGCGGCGAGCAGCGCGAGGGGTGAACGACGCGGACGAGACATTTTCGACGACCGCGGAAATTCATCAGCCCTTGC
CTATGGCTTCGCACTTTGTTTTCGCGGCCACAGCCACGGCATCTACGATCATATGTTGGCTGGCGCGCCCTATG
CGCTTTTTCAGCTTGGCGTGTCTTAGGACCGTTGGGGGATCGGAATGGTGTGGGCGCGATCGGCTACTCTGGCTC
AAGTGGCGGCGAAGACGCTCCTCGATCACCGGCACTGCTTGGGCGGATGTTGCCCTGTTGGTGTCTCTGCTTGCAT
AGCGCAACGGGCTCCTCCTTTTAGCGGTCCGCGACCGAAGTATGGGCGTGGCGCTCGGCTCCATCTCGGCGTCT
TCTTGGCTTCTTTTGGTGATGCCATACAGCAATTTGTCCACGCTATCTTCAGGCTCAGGCTCTCGTGCGCCATCAT
GCTGACCGCGAGGCAAGTAATGGCTTCGCTCCAGCCCTCCACGAAAGGGTTAAACATGGAACATATGAAGTCCGT
TCGCGATCGCAGTAGCGTCATGCAGATCGTGAGAGTGGCGAGTGGCAACTGTCTCGAGCAATATGATTTCTTCTGTTACG
GCTTCTATGCGGCATATATTGCGAGAAGCTTTTTCGACCGCGGATAACGCGACATCGCTCATGCTTTTATTGGCCACT
TTTGGCGTGGTTTCTCATGAGGCCCTTGGGGCGATTTTCTCGGGTCTACATCGATCGCGTGGGCGTGGGAAAG
CCTGATCGTGACACTCGCGATCATGGCCGTGGAACCTCACCATTGCGATGACTCCAAGCTATGAGGCAATGGATTAC
TCGCAACCGGTATATCGTGCTCGTGGGCGACTTTTTCAGGGTTTTCGCTGGAGCAGAGTGGGTCGCTCTCAGTGATC
TTGGCGAAATTGCGTCGCCAAATCGAGAGGCTTCTTACCTCGTGGCAGTCTGCCAGCCAGCAGGTGGCCGTATGAT
CGCCCGCGCATCGGTCTTGGCGTGCATCAACGCTTTCACCGAGCAATGAACGACTGGGGATGGCGGTGCCCTTGT
TGATCGGATGCTTGATTATCCCGTGATCTCTGGCTGCGCGGTCTCTCCCGAAACGAAAGCCTATCTCCACATGGAG
CACAAGGCGCATTCGATCGGCGAATCCCTCCGCAATTGCAACAGAGCTGGGGCTGATCTTGACGGGCATGGCGATGTC
GATCCTCAGCAGCACCACTTTTACATGATTACCGCTATACGCGGACATTTGGCGAGAAAGCACTCGGACTGAGCCCGC
AAGATGTCCTGCTGGTTACCATCATGGTGGCGGTGTCGAACCTCCTGTGGCTTCGATCGGGGTGCTCTCTCGATCGT
ATCGGTAGAACCCTGATCTACTGGTCTGCGGCTCACCCTTCTCGCCATCGCCTTCCCTGATGAGCTGGCTCGTCCG
GGCACCGACATTCGAGCGCTTTCGAGCTGTTCTGCTGACTTCTCCGATGCTTTGGACTCTATAATGGGGCGCTCATCG
CGAGACTCACCGAGATTATGCTCCCGCCATTAGAACCCTTGGCTTCTGCTGGCGTTTCACTCTCGGACCTCGCTGTTC
GGCGCTTCCGCCATTGGTAAGTACGGCGCTAATCCAGCGACGGGCGCAATTCGCGCTGCAATCTGGCTCTGTTT
TGCGGCTTTTCATCAGCTTCTGCTGTGGCGCATCGACCCGGCTGAGCCGGCAATCGCCGAAGGCGCCAGATAGGACA
ATCAGAGAATGCCGTGCGGCAATGAAGCGAGATTGGGCGGTAGGTGCGTGGCGGCACTTCGCGAAGAGCCGTGCGG
ACGGCTGAACGATGATGTTATGAATGGCTAAGACATGAGAGCAGTAGTTTACCAGAAATGGCGAATTTGCTCTGGGGC
CTATGCTGATCCGATACCCGCCCGGGGAGGTGCTCGTCAAGACCAGAGCATGCGCATCTGCGGATCTGACCTTCATT
TTTGGCATGATGCGCAGGCTTTTACGAACCTTGCTGCGGCGGGTATCGCTCTATGGAAGTTGATTGTGTCGAGAC
ATCGTCTGGGCGCATGAATCTGTGTGGCGAGATTATGGAGTTGGGGCTCTGCGGATCGTCTTCAAACCGGACAGCT
TGTGTGCTCGCTGCGCTGGCGATCGGTCCGACCGAGCGCGGACGATTGGCTACTCGGATGAGTATCCCGCGGGCTCG
GCGAATATATGTTCTCACGAAGCGCTTGTGCTGCTGTTCCGAACGGCTTCCGGCGACTGCGCGCGGTGACGGAG
CCGATGGCGGTGGGATGGCATGCCGTCGAGATCGCGCAGGTTCAACCACATCACATCCCTGTGGTATCGGGTGGGACC
GGTGGGTGGCAGTCTGCTGCTGCCCTGAAACATAAGCAAGTTGCTCCGATTATTGCGTGGGATCCATCGCCCGATCGGC
GTGCTCTGCTCTGCGGATGGGCGCGCGACGCGTGTGCTGATCGCGCGAAGAAATCACCTTTTCGCCAGGCGGAGAAGATC
GCACGCCCGGTGGGACAAGGTGGGGCCCTGTCCAGCTCATTGTGTCAAAGTCTCAAATGATATTGAATGCGTAGGGGT
GCCGGCATGCTTCGCGATGCGATGGACGCGCGCTCCGACGGGTCCGAGATCATGGTCTGTTGGCGCATGCATGCAGCCGG
ACGCGATCGAGCCCATGATCGGGATGTTTAAAGCGCTCACGATCAAATCTCGCGAATTTACAGGGTGAGGAATTCGCC
GCGGTGCTTCACATGATAGGTGAGGGCGCACTGACGATATCTCGCTGTTACCGATGTGATTGGCTGTCCGATGTCCC
GTCCGCGTTTGAGGCTCTACGAGTCCAGGCGCCCAAGCAAAAGTGATTGTGGACCTTGGCGCTGAGCCTGAGGATGCC
AAGGGTGGCAGCTTGGGCGATCGTCAAAGAAGGCGAGCTTGACCCGGTATGTGAACATCCCCATATTCTCCGCGAGTGAA
GCAGTTGGTAAACATGCCAAATATGAAGTGTAGTATTGCGTGGGGTTCTCATTGTGGGGTTGCCATTGTCTGCTGCTC
GCACCCGGCGACAAAGATTAGATGTACTCCGATAATCCGTGCTCTCGACCTGGCCTTCTTCATATATTTAGGACCTC
TCCGACCATGCGTGGCGCGGATCGGGATCGGCAGGCGTGGTTTCTGCGGTGAGTTCCAGTTGATCTTCTGTAAGAG
AGAACACCTCTCGGTAATGCGCGCGGTACTATCGCAGGATCGTCTCGAGCGTTCG

>Seq ID 2 (*fumA*)

ATGGCGAAGCTCAGCGACAAGGCGCGCCCCACGAGACGCTCACCCTAGTCTGCGCGCAATGATCGTTGGCACGGCCGC
CTTGATGGTCTTGAATACAGCCCATCTTCTCGCGCCCTTGTAGAGGAGGGCGTATTCGCCCGAGGGGTGGGAT

CGGCGGCAACGGTGGAAATACTGGCGATCGCGCGGGAACATGCATCGGACCCGTTCTTATGAAGACGGGATATCTGCGG
 GCGAAATGCGCGGCACTCTGCTTAATGCTCGCCGCAATCAACTTCGGATTGACGTTGCCGGGTTTCGATTTCGCCATCGT
 GGCCTTGCCGAGCGGCAGCGGAGCCCTGGAAGGTCTTTCGCTCAGCGCGCGATCCTGATCATGACTCATAATCGGCGGC
 CGGACCGGCTGAGCGGAATATTTCTGGCGCGCAGACGATACCGCAGTAATATCTGCTTATTTGCTCCCGACGGAGATT
 ATTCGCGCTGGGGGAGCGCAGGCGGCTTCACGATCCTGGGCATTCCTCGCGCGATCGCCGCGATCGCGGCTCTGTGCT
 CGTCGATCGCGTTGAGCTCGATCCGACGACCGTTAACGACGACTTGCAGTGGTCACCCGCGCGATCGTCATTTCGATGG
 CGGCATTCTGTTCAATTCTCGGGGTCGGTGC CGCATGGAGCTATCTGGAGCGACTGGCTGCGCAGCACGATTTCGGA
 GAAACGATCGGTATCGCCATTTCCGGGAGTTTGTCTTGCCAGGTAGGCGGGGCTGGCTGGCCGCTTGGATCGGTGGCG
 GGTCCGATATCGCTTCGCTTAATCGCTGGGAGCCTGCTTCAGGCGGCAACGTGATCGCATTTGGCGGTGGCCGATCAGC
 CAAGCTGGTTTATTTCCGCTTCTGTGCTTTTCGGCTGTTCTGGTTGGCGATGCAGCCCTTCCAAATCCGCTTCGCGATC
 GCGATAGATAACAGCCGCGAGCTTGCTGTACTGCTGACGCGGATCGCCCTCGTCGGGTTGAGCGCGGGGCCCTTGTGCT
 CTCTCGCTTTGCCGGGCGCAGCACTTGCGCTGGATCTTTGTGGGAGTTTCGACCTTGTGCTGGCCAGCGCGCTTCTGT
 ATCTTTGCGCTTCTCTGTTTCAACCGCGCGGAAGGTGATCGCTGAAACGGTGGACGTA

>Seq ID 4 (*fumB*)

ATGACATCGCAGGTCAAGCTTCGTAGCGCGGCAAAGCGGCGCGCAGTCTTAAAGCGAGCGAGGTCTTGCTCGTTACGA
 GTCTTTCGCTTGATGCGACCGACAGGCTGTTGGTCGATCTAGACCCCGATCAGTTCGCTCTATCAGATTGACAGGAAG
 CGGGTGCCCTCACCGTCGTCGCTCTATCATTTCTTCCGACCAAGGAAGTGGCTCATCTCGCTCTGATGCGCCGCTATCG
 GAGGGGCTCCGGAATCTCGACGCGATGGAAGTCGACATCGGCCAGCTCGAAAGCTGGCAGGACCTGATGAAGTTGGATCA
 GATCAGGGGCGGAGACTATTATAATAGCCACCCGCCCGCTCAAGCTTCTGTTTCGCGGATATGGCGGGTTCGAGGCCA
 GAAAGCTTGACGAGCGATCTCCGAGGAAATCGTGAGCTCCATGATGGCAGATACACCGCATTTTCCATATGCCGCAA
 ATGGAGAATGAGGCTCTCATGTTACGATCTGCTTCGCAATTCTCGACGCGGTATGGGCCGCTCTCTTTCCGCGGTTCCG
 TGAATACGTTCGGATTTCTTCGGGAGGGCAAGCGGCTTGCATTGCCTATTGCCGACACTATCTGCCGAGCGAACGC
 CATCAGCGTGA

>Seq ID 6 (*fumC*)

GTGGCCAGCAAGTTCAACTGTGAGTTACTCGATCTGCGATCATTGTTGCGGTGTATGAAACGCGAAGTTTTCAGCCACGC
 CGCGCGGCTTCTGAATCAATCGCAGCCCGCGCTCAGCCGAGAAATCCAGCGCCTCGAGAGTCTCGTGGGCGGTCCGTTGT
 TCGAGCGGACCACTCGGTCGCTTCCCGAAACGGCGCTCGGCAAGAGTTGCTCCCGGTCCGCCACCGAGCGTTGGAATT
 GTCGATACGTTCGCTGTTTGGCTCGCCCAATGTCGGGAGTTCCGCTGGACAGACATCACGATTGCTGTGTACAGACCCG
 CGCCTTCCATGTTTCTCCCGCAGCTGCGCGCTTGTACATGGATCAAAATCCGAGGTCGACTCCGCATCTTACGCTGC
 CGGCGGTTCGAGGCTCGGACCTGGTTGCGAGCGCGAGGCGGAGTTTCGCGATCAGCATTGAGAGCCTGTTGCCATCAAGC
 CTGCGGTTTCGATGCGCTCCACGAGGACCCGTTCCGCTGCGATGCCACCGAAGCCATCCGCTGGCGTTCGCTCGAGATCCT
 TGAATGGACGCAATTGAAAGGTGAAAGCCTGATCGCCGTTACCGTTCGAGCGCGAACCAGCGTTCGCTCGATGCCGAAC
 TCGCGCGCAACAATATCGCGCTGGAATGGCGGTATGAGGTCGCGCATCTGACGACGCGCTGGGATTGATCGATGCGCAA
 TTGGGTGTCGCTGTTATGCCCGCATGTTATGCCCGCTCGGGTTCGTCGAGGTCGCTTGGCGCCCCGTCGTCGCGCC
 GGTCTCCAACGCACGATCGGCATCGTTACGCGCCGACCGGCTCGATGCACCTGCCGACAGCAATTGCTTGC CGCGC
 TCCGCGCGGCTTGTCTGTCGCCCAATCTGGGCGACATCGCGTCTCGCAAGATGGGCGATCGTGA

>Seq ID 8 (*fumD*)

GTGAAAGAGCACCAATGCGGTGGCGGCGGGCGTCCCCGCTGCGCCCGCCACGTGGCTTGC CGCGGATCAGCGTTTCCCG
 GGGGCGCTCCGCCATCGCCTGGACCTTCATGCTTGGCGCAACTGCCATTCCCGTGGCTGCGCAAACTGACGATCCGAAGC
 TCGTTCTGTCATACCCAGTCCGGGCGCCGTCGAGGGCGTCGAGGACTTTTTTGGGAATACCCCTTCGCGGCT
 CCGCCGCTCGGCGACCTGCGATGGCGGCGCGCGCTCCGCCGAGGGCGTGGGCGGGCACCAGGGACGCGCCGCTTTGC
 GCCGATTGCGATCGGAACGAGCGGCTTAGAGAGGGGAGCGGGGCTGCCGGGACGAGCGAAGACTGCCTCTATCTGAATA
 TCTGGTCTCCAAACAGGTTCGTAAGGGGGGCTCCCGCTCATGATCTGGGTTTACGGCGGTGGGTTAGCGGCGGTTCT
 GCGCGGTTGCCATATTATGACGGCTCTGCGCTCGCGCAAGGGCGTGGTGGTCTGTCAGCTTCAACTATCGCGCCGGAT
 TCTGGGCTTTCTTGCCCATCCGCGCTTTCAAGGAAAGTCCGAATGGCGTGTGGGCAACTATGGTCTTCTCGACATGC
 TCGCGGCGTTCAATGGGTTTCAAGCAACATAAGGGAGTTCCGCGGAGACCCGAACCGTGTACGCTCTTTGGCGAGTCC
 GCCGCGCGAGCGCGCTCGGACTGCTCTGACCTCGCGCTCAGTGAGAGCGCCTTCAATCAGGCGATATGCAAGTCC
 GGGTCTGGCCAGGCGCTCGCCACGCTTTCTGAAAGCGAAGCGAATGGGCTGGAGCTGGGAGCCGATATTCTGCTCTAC
 GCGTGCAGATGCGGGCGAATTGACGAAGATCGCGCAATCGCGAATACCCATGTGCGCGCAGTTACCAAGCCGCGGCG
 ATGGGTCCGATTCTGGACGGCTATGTTTTCGCGACCCCTTGACGTCGATGCCTTCGCCAAGGGGGCTTCCGCAAGATACC
 CGTTCTGGTTCGGCGAAACGCCGACGAAGGGCGCGCTTTTACGGATCGCCTGCCGCTCAAAACGGTCTTGAATATCGAG
 CCTATCTCACAGAACAATTTGGTGACGAGGCGGACGATGGGAGCGTTGTTATCCCGGAACTCCGACGCCGACGTCCTCC
 GCCGCGCTTCCCGCTTTTGGGGATAGTCAAGTTCAACAACGGGATCGAGCTGCTCTCGGCAGCCTTCGCGAAATGGCG
 AAGCGCGCTTTGGAGATATCGCTTTACGGGCAATTCAGGAGCGCGCGCTCGCCCCGCCATGGAGACGAAATCCCT
 ATGTCTTCGCAAACTGGGGCGCTGTCGCTATCTATGTTTGGGTGCTCGAAGGCGCGCGGGGCGTGGACATCAAA
 CTTGCGACCGAAATGTCCGCGGCTGGGTGAGCTTCGCGTGCACGGGTCCCGGATCAGGGCACGAAATCGACATGGCC
 GCGCTTCGAGCGGCGAGGGGAGATCATGACTTTTGGTTCGCGAGGTGGCTCTGGGAAGGTCTTGGAGTTTCGCCGAGCA
 AAGCCTGCCAACCTCAAAATAG

>Seq ID 10 (*fumE*)

TTGGAGTTTCGCGGAGCAAGCCTGCCAACCTCAAAATAGCGCCCGGCTGTGCGTGTCTCAGCACGCCGTCCCGCTTT
 GCGGGCGACGGGCTGTGCCCTCTGCTAGAGGAAGTAAGTTGCGCTACGAGCTCGCGATAATTGGAGGTGGCAACGCTG

CATTGACGGCAGCCGTGACGGCGCGTGAAGCGGGGCGCTCGGTTCTTGTGATCGAGCATGCGCCGCGCCATGCGCGGC
 GGCAACAGTCGTACACACGCAATATGCGTACGATGACGAAAGCTCCCTGTGCGCGTTGACCGGTGAATATTCGCGCGGA
 CGAATATTGGAATGATCTTGTCCGCTCACGGGGGGCGCACCGACGAAGAACTCGCGCGGCTCGTTATCCGCAACACCA
 CCGACGCTATTCCCTTATGACGCGCTGCGGTGTGCGTTTCCAGCCCTCGCTGTGCGGCGAGCTGAGTTTATCGCGAACC
 AACGCATTCTTCTTGGCGCGGGAAGGCGCTTGTAAACGCATATTACGCCACGGCCGAACGGCTAGGCGTCGATATTCT
 CTATGATTCTGAGGTGACCGAGATCAACCTTCAGCAAGGCGTGTGCGAGCGTCTGCAATTGCGCAGCCGGGATTCCTGT
 TCGAAGTGAAGCCAAGGCTGCCCTCGTCCGAGGATTCCAGGCAAACTTTGACTGGCTCTCAAGCGCATGGGGG
 CCTGCTGCGGCGAACTTCATCGTACGGGGCACGCCATATGCGACTGGCAGGTGCTCAAGAACCTGTTGGAGCAAGGCGT
 CGCCTCGGTGGGAGATCCAACCCAATGCCATGCTGTGCGGATCGATGGGCGAGCGCCAAATACGACGGCGGCATCGTCA
 CACGACTGGACTGCGTTCCCTTCTCGATCGTGTCAACAAGGACGCCCTTGCCTTCTACGATGAAGGCGAAGATGTGTGG
 CCGAAGCGTTACGCCATATGGGGTGTGTTGGCACAGCAGCCTGATCAGATCGCTTTCAGCATAATCGATCGGCGAGG
 CGAAGACCTCTTTCATGCGCTCAGTGTTCCTCCCGTGCAGCGGACAGCATCGCGGTCTGGCCGAGAACTCGGTCTGA
 ATCCCGTAACCTTGAACGCACGGTGGCCGAATTCAACGCCGATGCGTGCCTGGCGAATTGCGCGGCCAAGATCTCGAC
 GACCTCCACACCGAGGGAATCGAACCAGAAATCAACTGGGCGCGACCGATTATTGTGCCCCGTTACGCGCCTATCC
 TCTCCGCGCGGGATCACCTTACCTATCTCGGCGTCAAGGTAGACAGCGTGCCTGGGTCATCATGGAGACAGGTGAGC
 CGACAAAACCTGTTTGTCTTGGGGGAAATAATGGCGGCGAGCATTTCTCGGCCAAGGTTATCTCGCTGGATTGGAATG
 CGGATTGTTACCGTATTTCGGCGCATCGCGGTTGGGAGCCGACGTCATGCAGGATTTTGA

>Seq ID 12 (*fumF*)

ATGCAGGATTTTGATCTCGTAAAAATGCTGTGACTTGCCGTGCGCGCGGAGCTGGAAGCCAGGCGCGTTATGGAGGT
 GTGCAACGCGTGCCTGCTATTGCGAAGGGTTCGCGCGGTATTTCTGCAATGACCTTGCAGCGTCATTTCCGCGAGCGCG
 ATCTCAGCCACCTCGCCAATCTCTGCCACTCGTGCCAAGGTTGCTATTACGCTTGCCTAACGCCCCCTCCGCATGAGTTC
 GGAATAAACGTTTCCAAAGGCGCTGTGCGAGTTGCGGCTCGAGAGCTACGAGCAGCATGCTTGGCCCCGGCGGTGCGCGC
 TCTCTATCGCAAGATGCGCTCATCATTTCCATCTTGTGCGGCGCATGCATAACCGGCGTCTTCTGCTTCCGCCATCT
 TCAACGGGGATGCACTTTTCGCGAAACAGCATCGGTGCGCGCGCGGTTTACACGTTATTCTTATCAGGCGATG
 ATGCGCGTGCCTGCGGCGACCATTTCTTTATTCCGCGCTGCGCGTGGCGATCAGTCTCGTTGCTTTTCGCGGACGATCGG
 TCTGGGAATTAAGTTCTTTATCAGCACGTGCGGTTCTTCGGGCGCTACGCGATGCGGCGACTCTGCGATATCTCGCG
 CGAGCGACGGCGAGGGGTGTAACGACGCGGACGAGACATTTTCGACGACCCGCGGAAATTTTCATCAGCCCTTGCTAT
 GGCTTCGGACTTGTTCGCGGCGCACAGCCACGGGACGATCTACGATCATATGTTGCGGCTGGCCGCGCCCTATGCGCT
 TTTACGCTTCCGCGTGTCTTAGGGACCGTTGGGGGATCGGAATGGTGTGCGGCGCGATCGGCGTACTCTGGCTCAAGC
 TGGCGCGCGAAGACGCTCTCGATCACCGGCACTGCTTGGGCGGATGTTGCCCTGTTGGTGTCTTCTGCTTGGCATAGCG
 GCAACGGGCTCTCTCTTTAGCGGTCCGACGACCGAAGTTCATGGCGTGCCTGCGGCTCCCTCTCGCGCTCGCTCTT
 GGCCTTCTTTTGGTGTATGCGCATACAGCAAAATTTGTCCACGGTATCTTCAGGCTCACGGCTCTCGTGCCTCATGCTG
 ACCGCGAGGCAAGTAATGGCTTCGCTCCAGCCCTCCACGAAAAAGGTTAA

>Seq ID 14 (*fumG*)

ATGGAACATATGAAGTCCGTTGCGATCGCAGTAGCGTCATGCGAGATCGTGAGAGTGGCGAGTGGCAACTGTCTCGAGCA
 ATATGATTTCTTCTGTTACGGCTTCTATGCGGCATATATTGCGAGAAGCTTTTTCCGACCGGCGATAACCGCATCGC
 TCATGCTTTTATGCGCACTTTTGGCGTGGTTTCTCATGAGGCCCTTGGGGCGGATTTTCTCGGCTCCTACATCGAT
 CGCGTGGGCGTTCGAAAGGCTGATCGTGACACTCGCGATCATGGCCGCGGAACCTTCACCATTCGATGACTCCAAG
 CTATGAGGCAATGGATTACTCGCACCGGTTATCGTGCTCGTGGGCGACTTTTGCAGGTTTTCGCTGGAGCAGAGT
 CGGGTGGCGTCTCAGTGTACTTGGCGGAATTCGCTGCGCCAAATCGAGAGGCTTCTTACCTCGTGGCAGTCTGCCAGC
 CAGCAGTGGCGCTCATGATCGCGCGCGATCGGTCTGCGCTGCAATCAACGCTTTACCGGAGCAATGAACGACTG
 GGGATGGCGGGTGCCCTTGTGATCGGATGCTTGTATATCCCGTGATACTTGGCTGCGCGGCTCTTCCCGAAACGA
 AAGCCTATCTCCACATGGAGCACAGGCGCATTCGATCGGCGAATCCCTCCGCAATTGCAACAGAGCTGGGGGCTGATC
 TTGACGGGCATGGCGATGTCGATCTCACGACGACACCTTTTACATGATTACGCGCTATACGCGGACATTTGGCGAGAA
 AGCACTCGGACTGAGCCCGAAGATGTCTGCTGTTTACCATCATGCTGCGCGTGTGCAACTTCTGTGGCTTCCGATCG
 GGGTGTCTCTCGGATCGTATCGGTAGAACCCGATCCTACTGGTGTGCGCGTACCGTCTCGCCATCGCTTTCC
 CTGATGAGCTGGCTCGTCCGCGCACCGACATTCGGAGCGCTTGACGCTGTTCTGCTGACTTTCTCCGATGCTTTGGACT
 CTATAATGGGGCGCTCATCGCGAGACTCACCGAGATTATGCTCCGCGCATTAGAACCTTGGCTTCTCGCTGGCGTTCA
 GTCTCGCAGCTCGCTGTTCCGGCGCTTACCCCATTTGGTAAGTACGGCGCTAATCCACGCGAGGGCAGCAATTCGCG
 CCGTCAATCTGGCTCTGTTTTCGCGCTTTCATCAGCTTCGTCGGTGTGGCGCATCGACCCGCTGAGCGCGCAATCGC
 CGAAGGCGCCAGATAG

>Seq ID 16 (*fumH*)

ATGAGAGCAGTAGTTTACCAGAAATGGCGAACTTGTCTTGGGGCCTATGCTGATCGGATACCCGCGCGGGCAGGTGCT
 CGTCAAGACGAGCATGCGGCATCTGCGGATCTGACCTTCATTTTTGGGATCATGCGCAGGCGTTTACGAACCTTGCAT
 CGCGGGCGGGTATCGCTCTATGGAAGTTGATTGTGTCGAGACATCGTTCTGGGCGATGAATTCTGTGGCGAGATTATG
 GAGTTCGGGCGCTCTGCGGATCGTCTGCTTCAAACCCGACAGCTTGTGTGCTCGCTGCGCTGGCGATCGGTCCGACCGG
 AGCGCGGACGATTGGCTACTCGGATGAGTATCCCGCGGGCTCGGCGAATATATGGTCTCACGGAAGCGCTCTTGTGTC
 CTGTTCCGAACGGCCTTCCGGCGACCTGCGCGGCTTGACGGAGCGATGCGGTTGGATGGCATGCGCTCGAGATCGCG
 CAGGTTCAACCACATCACATCCCTGTGGTATCGGTTGCGGACCGTGGGTTGGCAGTGTGCTGCCCTGAACATAA
 GCAAGTTGCTCCGATTATTGCTGCGATCCATCGCCGATCGCGTGTCTTGTCTGCGGATGGGCGCGACCGCGTTG
 TCGATCCGCGCGAAGATACCCCTTTCGCGAGGCGGAGAGATCGCACGCCGCGTGGGCAAGGTGGGGCCCTGTCCAGC
 TCATTGCTGTCAAAGTCTCAATGATATTGCAATGCGTAGGGGTGCGGGCATGCTTCGGCATGCGATGGACGCGCGCTC
 CGACGGGTCCGAGATCATGGTGTGGCGCATGCATGCAGCCGACCGATCGAGCCCATGATCGGGATGTTTAAAGCGC

TCACGATCAAATTTCTCGCGAACTTACACGGGTGAGGAATTCGCCGCGGTGCTTCACATGATAGGTGAGGGCGCACTCGAC
 GTATCTCCGCTCGTTACCGATGTGATGGCTGTCCGATGTCCGCTCCGCGTTTGAGGCTCTACGGAGTCCAGGCGCCCA
 AGCAAAAGTGATTTGTGGACCCCTTGGCGCTGA

>Seq ID 18 (*fumI*)

ATGGCGAACGGAACAAGGCAGAAAGATCTCAGAGAACGCGCGAAGCGGTTCATTCGGGCGGGATGTACGGCCACGAGTCGACACGG
 TTGCTGCCCGCCAGAATTCGCCAGTTCTTCAGGCGCGCGCTGGGGGCAGAAATTTGGGACGCGGACGAGCAGCCCTATATCGACTAT
 ATGTGCGCGTATGGGCCAAATTTGCTCGTTACCGCAATCCGAAATCGAAGCGCGGCTGATGCGCAGCGACTTCTCGGCGACACC
 ATGACCGGTCTTCGGAGATCATGGTCAACCTCGCCGAAGCCTTTGTGGCATGGTCCGTATGCGGATTGGGCGATGTTCTGCAAA
 AATGGCAGCGATGCCACCTCAACGGCGATGGTTCTCGCGCTGCGCATACGGGGCGCAAAACCATATTATGCGCCAAAGGCGCTAT
 CATGGCGCTTCCCGTGGAACACTCCGCATATGCGGGATTCTCGCTTCGATGCGGTGCATGTGCGATATTATACCTATAACGAC
 GCCCAAAGCTTATCGGACGCGTTCAAGGCGCAGATGGCGATATTGCGGTGTCTTTGCCACACCTTTCGACACGAAAGTATTGAG
 GACCAGGCCCTCGCCAGCTTGAGTTGCGCGCACCGCTCGAAATGTTGTGACGAGACCGGTGCGCTTCTGTTGCTTGACGATGTG
 CGCGCAGGTTTCCGGGTGGCGCGGATTGCGAGTGGACGCAATTTGGGTATCGAACCAGATCTCAGTTGCTGGGGAAATGCTTTGCG
 AATGGCTATCCGACTCCGCTGCTGGGCTCGAACAAGGCGCGCGATGCGGCGCGGGATATATTGTGACCGGCTCTTCTGTTTC
 TCTGCGGTACCGATGGCGGCGCGATCGAAACCTCAGGATCATTGAGAGACGCTTATCTCGAAACGCTGATGCGCAGCGCGCC
 GCCCTGCGGGCAGGCTTGAGGCGACAGTCTCAGCGCCATGGTCTTGAGTTGAAGCAGACGGGCCCGGCGCAGATGCCGCAATATTC
 TTTGCGGACGATCCGATTTCGGATCGGCTATGCGTGGGCGCGCGTGCCTGAAGGGCGGCGTCTATGTTTCATCCCTATCAATAT
 ATGTTTCTCTCGCGGCCATACAGTTGACGATGTAACGGAGACCTTCGAGGCGACGGATGCGCGCTTCAGCGCGGTCTCAGAGAT
 TTTGCGTCTCTCCAGCTCATCCATTTTAATGCAACTCGCCGCTGCTTGA

>Seq ID 20 (*fumJ*)

ATGTATCGGAAGTTCAGAATCGAAAGCCCGCAAGGCAAAATAGTTTGTCTCGGCGAGTAGCGCTCGGCACCCCTCGCATTTCCTGT
 TCTGCCAGTGCTCAGGATAGCGATCCCGCATCGATAGGTACAGCGGACGAGCGGACACGGACCGGGGAACGAGCGAAATCGTCTG
 ACCGGCAGCGCCTCCAGAACGGCTTCAATTCGCGCAGCGCGTTACAGCCGTATCCAGCGAGCAGTTGAAGGAGGCACTCCCGACC
 AACCTTGCCGACGCACTCAACAGCTGCCCGTGTTCACGACAGCTTGAAGACCTCCAACCTTGGCAGCAGACCCGGAACCGGGAAC
 AGCGGTGAGAACCTGCTCAACATGCGCGGCTCGGCTCAAACCGAACCTCGTCTGCTGAACGGCAACCGTTTCGTGCGGACCAAT
 TTCACAGGCTCGGTGATATCAACGTGCTGCGCGAGCGGTGTTCAAGCGCGTTCGATGCTGACGGGCGGCGCTCGGCCGCTAC
 GGTTCGATGCGGTTTCGGGCGTCATCAACTTCGTCTCGACGAAGATCTGAAGGCGATCAGGCGCGAGCTCCAGTCGCGGTGTTTCA
 ACCGCGCGGACCTCCGCTCTACGGCGGTTCGATCGCCTTCGCGACTTCGTTTGGCGACGACCGGTTGCACTTGTCTCGGCGCTTC
 GAATATTTTCGACAGGACGGAATCCGGGCGATGAAGCAACGGGTGCGCGTGGTTCGACATCGCGCGCGGCAATATCCCGTGGCC
 GCGCTACGACAGGCGTCAAGGTGTCGCCGATATTCGAGTTCTCGCGGATCTTACGGCGGACTTTCAGCTCCGGCCCTCTGAAA
 GGCATCGCGTTTTTGGCCGAGGAGTCTAGGGACCTTCGACTACGGGAATTTACGAGCTCGTCTTCAGAGCGGCGCGGATGGA
 CCGCGGTGAATATCGGCTTCGCCCGGATCAGCTTCGCTACAAACGCTTCCTACGCGCGCATATGATGATGTTCCGACACTGTGCAG
 GTGATGCGGAGGCGACCTATGCTTATTTCCACACCAACCTGGGTGCATTGTAATATCGCATGTCGTTGGCTCGAATAATTTCCGG
 ATCTTCCGTGATAACGCCCTTCTTCCGGCTCCACTCGCGACGCTCATGGACAGAAATGCCAGGCTTCGATCGTTGCTCGGTGCGTTC
 TCAAGCGACTTTCCCTTGGTGAATCGAATTTTCGAAAGGTCTACCGCGGCGTTCGCGGCTTCGGGCGACACTTGGCAATGGC
 TGGAACTCGATGGCTCGGCTCTTTGGCTTACGGACCTCGAGCTTCGTGAAAACAACTCTCACCATCAACCGCAATCTCTACGCC
 GCCGTGATGCGGTTCGCGATCCCGCGGCAATATCGTCTGCGGTTCAACACTGGCGCGCTCGACCAAGATTGCGTTCGCGCTCAAT
 CTCTTCGCGACAGGCTCGCGAGCGCTCGGCCATCGACTATGTACCGCTGATGGCGTCTGCTCAGCTGAGGCTTGAAGCAATATGTG
 GCGGACTCAGATTTCCGGCGACCTCGCGGATAGCTGTGCTTCGCGCGCGGCGCGGCTTCGTTGCGCGCTGGTATCGAATATCGC
 AAGGAGAAGGCCCGCGAGGAAACCGACGCGATATCGCAGCGCAGCAGCTCGATCAGGGAATCAGGGGGGCTCCGGCGCGCGCAGECA
 GGTGCGGCTGGAGGCTTCAATCTCTACAAACCACTTCCCTTCTCGGGAAGCTATGACATCAAGGAAGGTTTTGTGCAAAATCGGCGTC
 CCGATTCTGAAGGACAGCGCGCTGGGACGTTTCGCTGAATTAACGGCGCGCTCCGATATGCCGATTACAGCCAGTCCGTTGGAGTA
 ACAACCTGGAAGCTGGGCGGAGAATATGAGCGGATCGACGCGCTCAGGTTCCGCGCGACCCGTTTCGCGAGATATCCGCGGCCAAGC
 CTGTGCGAGCTATTCGACCCCGGCGCTCAGGCGACGCTCAATTCAATTTATGGCGGACAGGCTGTGCAGACGCGGTTCTTTACCGCC
 GGCAACGCGGATTTGCGCTCTGAAAAGGCGGACGCTCTTACATTTCGCGCGGCTGCTACGCCCGGCTTCGTTGCGCGGGTTTCAGTTT
 TCGGTGATCGCTATGTGGTGAAGGTGAAGGGCGCGATCGATTTCCTCTTCCCGCAGGAAATCGACGCTGCGATGCAAGAAAC
 ACCTTCTTCTGCGACCTCATAACGGAGAATCCGGACGGCACCATCACAGTGACGGGTCCCAATCTCAACCTGGCTGTCCAGAAAGCG
 GCGGGAATTGACTTCGAGGCTTACTACGCCCCGTCGCGCGCGCACGTTTCAGTCTTCGTGCGCTGGCAACGCCACCATACCTCT
 GCCTATCGCATCGCGACCGGCTCGCGGCCATCGTTTCGCTCGGACAACCGGACAGCCAAAATGGTCGGCCAACTTCCAGGCGCGA
 TATTCGACCGACGATTGGGCGCTTCTGTCGACGAGCGCTTCATCGCAGCATCGGTGTTCAATGCCACAATGTGGAGGGCGTCGAT
 ACGAATTTGAACACGCTCCGGCGGTTTGGTACACCGACGCGACATTGACCTTCGACATCGCGGCTTTTGGCCAGAAGCAGCAGCTG
 TTTCTATCGTCAATAATTTGTTTCGACCGAGATCCGCCAATAGCGACGAACGACCCAGCAGTTTTTCCAGCCGACGAGCTCTGCC
 TATGATCCGTCGCGCGCTATTTAATGTGCGGGTCCGTTTCGGATCTGA

>Seq ID 22 (*fumK*) nicht vollständig

ATGCGCCTCACGGGCGGAGAATTATTGGCACGATGTTTGGCGCTCGAAGGCGTCCGGTATGTCTTCGGCCTCATGTCCGCGGAGGTG
 GATCCGCTCTGGCTGCGCTCGAAGACAATGGGATATTGTTGCTCCCGGTGCGGCACGAGGCCCGCGCAGCCTATATGGCCGAGGGC
 ATTTACAAGACCACCGGACAGGTGCGCGGATTTGTCAGAAATCCGGGTCCCGGTACGCGAAACCTTCTGCTGGAGTCTGACGGCA
 CGCCACGAAGGGGTTCCCTTCGTCGCAATAACGTCACGATCAACTTGGTGTGTTTATCCCTGCACGCCAAAACCTTTTCAGGGA
 CAAGACCAGATCGACCTCTTCGACCCGCGTTAAATGGGGCGCACCCATCTTCGCTGGAACCGGATTTCGAAATCACCCATATG
 GCGTTCCGGGAAATGTGGGCGGCGGACGCGGACCCGTTTCAGTTGGAATCCCGARGTCTGTGATGATGKTGTGGGCAACGAGGA
 CCACGGTAGAAGTTTACRGATCGCCGACA...

>Seq ID 24

ATGGAATTGAGCCGCAACGAGACCAGGCCTTGAGGGAGCGCGCCCAAGCGGTGATCCCGGGCGGGATGTACGGTCACGAGTCGACC
TATCTGATGCCCGAGGGCACGCCACAGTTCTTCAGTCGCGGCCAAAGGCGCCGACTTTGGGACGCGGACGCGCAACGAGTATGTCGAT
TACATGTGCGCCTATGGCCCCAACCTGCTGGGTTACGGCTTCGAACCCGTCGAAGCGGCGCGCAGCCAGCAAGCCCGGGCGAT
ACCTTGACCGGGCCGTCGGAGGTGATGGTGCAGTTGGCGAAGACTTCGTGCGGCAATCAGCCACGCGGACTGGGCCATGTTCTGC
AAGAACGGCAGAGACCCACCTCAATGGCGATGGTCATCGCGCGCGCACACACCGGCCGGAAGACGATCCTCTGCGCGAAGGCGCC
TATCATGGGGCGCGCCTTGSTGCACGCGGATCCTGGCCGGAACGCTACCGGAGGATCGCGCCTTTGTAGTCTACTACGACTACAAT
GACGCCCAAGCCTCGTCGACGCTTCGAGGCCATCAGGACGAGTCGCGGCGATCTTCGCCACCCCTCACCGTCACGAGGTGTTTC
AGCGACCAGATCGATCCTGATCCGGAATATGCGGCCAGCGTGCAGGCGCTCTGCGACAAGAGCGGCGCCTGCTCGTCGTCGACGAA
GTTCGAGCCGGTTTCAGGATCGCGCGGACTGCAGCTGGGCCAAGATCGGCGTCGCTCCGGATCTGAGCACCTGGGGCAAGTGCTTC
GCCAACGGCTATCCGATCTCGCGGCTCTAGGGGGCGAAAGGTGCGCAGCGCGCAAGGCCGCTCTAGTCTACCGGCTCGTTCTGG
TTCTCGGCCACGCCCATGGCCGCGAGCCGTCGAAACCTGAAGCAAATCCGCGAGACCGACTATCTCGAGCGGATCAACGCGGCCGGG
ACCGCCTGCGCGAGGGCCTGCAGCAGCAGGCTGCTCACAACGGCTTTACGTTGCGCCAAACGGGGCCGCTCTCCATGCCCAAAGTC
CTCTTCGAGGAAGATCCGATTTTCGGGTCGGCTACGGCTGGGTTTCGGAATGCCTGAAGCGAGGGGTGACTTCAGCCCCATCAT
AACATGTTCTGTCGGCGGCCCATAGCGAGGCGGACCTGCGCAAGACCCCTTGCAGGCTACCGGCGACGCTTCGTCGAGCTACGCGCC
AAGCTTCGAGCCTAGAAATCCACCAACCCCTCCTCGCCCTGAGAGCGGCCTAA

Enzyme

Sequenzen:

>Seq ID 3 (FumA)

MRNVSDKAPPHETLTVVVAMIVGTAALMVLGIQPIILLGALVEEGRIPAEGLGSAATVEI
LAIAAGTCIGPVLMTGYLRKCAALCLMLAAINFGLTLPGFDPVACRAAAGALEGLS
LSAAILIMTHNRRPDRLSGIFLGAQTIPQVISAYLLPTEIIPRWGSAGGFITLILAAIA
AIAALCLVDRVELDPTTVNDDLQWSPAIVISMAAFVQFSGVGAAWSYLERLAAQHGFSG
ETIGIAISGSLCQVGGAWLAAWIGGRVGYRFALIAGSLLQAGNVIALAVADQPSWFISA
SCAFGLFWLAMQPFQIRFAIAIDNSRQLAVLLTPIALVGLSAGPLLLSRFAGATDLRWIF
VGSSTILLASALLYLCASLFQPRGKVIETVDV

>Seq ID 5 (FumB)

MTSQVKLRSAAKRPRSPKSERGLARYESLLDATDRLLVDLDPDQVGLYQIAEEAGASPS
VYHFFPTKEVAHLALMRRYLEGLRNLDAEVDIGQLESWQDLMKLDQIRARDYYNSHPPA
LKLFFGGYGGVEARKLDERYSEEIVSSMYGRYNGIFHMPQMENEALMFTICFAILDAVWA
VSFRRFGEITSDFLREGQAACIAYCRHYLPERTPSA

>Seq ID 7 (FumC)

VASKFNCCELLDLRSFVAVYETRFSHAARLLNQSQPALSRRIQRLESVLGGPLFERTSRS
LAETALGKELLPAHRALELVDTSLFASPNVREFRWTDITIAVQTAAFHVLPRARLYM
DQNPRVRLRILDVPAVEADLVASGEAEFGISIESLLPSSLRFDALHEDPFGLACHRSHP
LASLEILEWTQLKGESLIAVHRASRNRTLLDAELARNNIALEWRYEVAHLTTALGLIDAQ
LGVAVMPRPMVPRSGRSEVVWRPVVAPVVQRTIGIVQRTGSMHPAAQQLLARLRAAWSS
ANLGDIASREDGAS

>Seq ID 9 (FumD)

VKEHQCRGGRASPAAPATWLARISVSRGASAIATFMLGATAIPVAAQTDDPKLVRHTQS
GAVEGVEGDVETFLGIPFAAPPVGDRLWRPPAPPRAWAGTRDGRRFAPDCIGNERLREGS
RAAGTSEDCLYLNIWSPKQVGKGLPVMIWVYGGGFSGGSGAVPYDGSALAQKGVVVVT
FNYRAGILGFLAHPALSKESPNGVSGNYGLLDMLAFAKQVQNNIREFGGDPNRVTVFGES
AGASALGLLLTSPLESFAFNQAILQSPGLARPLATLSESEANGLELGADISALRRADAGE
LTKIAQSRIPMSRQFTKPRPMGPILDGYVLRITLDVDAFAKGAFRKIPVLVGGNADEGRAF
TDRLPVKTVLEYRAYLTEQFGDEADAWERCYPANSADVPAAVARLFGDSQFNNGIELLS
AAFAKWRTPLWRYRFTGIPGAGRRPATHGDEIPYVFANLGPSSVSMFSGLEGGAGASDIK
LATEMSAAVVSFAVHGVDPDQGTKSHWPRFERRGEIMTFGSQVGSGEGLGVSPSKACQPSK

>Seq ID 11 (FumE)

LEFRRAKPANPQNSARPVRASARRPALRATGCALCLEGSKLRYDVAIIGGGNAALTAAVT
AREAGASVLVIEHAPRAMRGGNSRHTRNMRTMHERPLSPLTGEYSADEYWNDLVRVTGGR
TDEELARLVIRNTTDAIPFMTRCGVRFQPSLSGTLSSRTNAFFLGGGKALVNAYYATAE
RLGVDILYDSEVTEINLQQGVVQRLQLRSRGFPVEVEAKAAIASSGGFQANLDWLSSAWG
PAAANFIVRGTPYATGTVLKNLLEQGVASVGDPQCHAVAIDGRAPKYDGGIVTRLDVCP
FSIVVNKDALARFYDEGEDVWPKEYAIWGRLLVAQQPDQIAFSIIDRQAEDLFMPSVFPPVQ
ADTIAGLAEKLGPNVTLERTVAEFNAACVPGEFGGQDLDDLHTEGIEPKKSNWARPIIV
PPFSAYPLRPGITFTYLGVKVDSSRARVIMETGEPTKNLFASGEIMAGSILQGYYLAGFGM
AIGTVFGRIAGWEAARHAGF

>Seq ID 13 (FumF)

MQDFDLVKMLSDLPSAPELEARRVMEVCNACRYCEGFCAVFPAMTLQRHFASGDLSHLAN
LCHSCQGCYYACQYAPPHEFGINVPKALSELRLSEYEQHAWPRPVAALYRKNALIISILS
AACITGVLLLLAAIFNGDALFAKHASVPGGGFYNVIPYQAMIAVAATTFLYSALALAIISLV
RFSRTIGLGIKVLVYQHVPVLRALRDAATLRYLGGSDGEGCNDADETFSTTRRKFFHHALAY
GFGLCFAATATGTIYDHMFWPAPYALFSLPVVLGTVGIGMVVGAIGLLWLKLAGEDAP
RSPALLGPDVALLVLLLAIAATGLLLLLAVRSTEVMGVALAVHLGVVLAFFLVMPYSKVFH
GIFRLTALVRHHADREASNGFASSPPTKKG

>Seq ID 15 (FumG)

MEHMKSVDRSSVMQIVRVASGNCLEQYDFFVYGFYAAYIARSFFPTGDNATSLMLSLAT
FGAGFLMRPLGAIFLGSYIDRVGRRKGLIVTLAIMAVGTLTIAMTPSYEAIIGLLAPVIVL
VGRLLQGFSAESAESGGVSVYLAETASPKSRGFFTSWQSASQQVAVMIAAAIGLALQSTLS
PEQMNDWGWVPLLLIGCLTIIPVILWLRSLPETKAYLHMEHKAHSIGESLRELQQSWGLI
LTGMAMSILTTTTFYMITAYTPTFGEKALGLSPQDVLLVTIMVGVSNFLWLPIGGALSDR
IGRTPILLVVPVTVLAIAFFPLMSWLVAAPTFGALAAVLLTFSACFGLYNGALIARLTEIM
PPAIRTLGFSLAFSLATSLFGGFTPLVSTALIHATGSNSAPAIWLCFAAFISFVGVAAST
RLSRPIAEGAR

>Seq ID 17 (FumH)

MRAVVYRNGELVLGAYADPIPAAGQVLVKTRACGICGSDLHFCDHAQAFTNLASRAGIAS
MEVDLCRDIVLGHEFCGEIMEFGPSADRRFKPGQLVCSLPLAIGPTGARTIGYSDEYPPGG
LGEYMLVTEALLLPVFNGLPATCAALTEPMAVGWHAVEIAQVQPHHIPVVIGCGPVGLAV
VAALKHKQVAPIIASDSPDRRALALRMGADAVVDPREESPFQAEKIARPVGGGALSS
SLLSKSQMIFECVGVPGMLRHAMDGASDGSEIMVVGACMQPDAIEPMIGMFKALTIFKFSR
TYTGEEFAAVLHMIGEGALDVSPLVTDVIGLSDVPSAFEALRSPGAQAKVIVDPWR

>Seq ID 19 (FumI)

MANGTRQKDLRERAERVIPGGMYGHESTRLLPPEFPQFFRRALGAR.IWDADEQPYIDYMC
AYGPNLLGYRQSEIEAAADAQRLLGDTMTGPSEIMVNLAEAFVGMVRHADWAMFCKNGSD
ATSTAMVLARAHTGRKTILCAKGAYHGASPWNTPHTAGILASDRVHVAYTYTNDQAQSLSD
AFKAHDGDIAAVFATPFRHEVFEDQALAQLEFARTARKCCDETGALLVDDVVRAGFRVAR
DCSWTHLGIEPDLSCWGKCFANGYPISALLGSNKARDAARDIFVTGSFWFSAPVMAAAIE
TLRIIRETPYLETLIASGAALRAGLEAQSQRHGLELQKTGPAQMPQIFFADDPDFRIGYA
WAAACLKGGVYVHPYHNMFLSAHTVDDVTETLEATDRAFSVLRDFASLQPHFILMQLA
GA

>Seq ID 21 (FumJ)

MYRKFRIEKPGKANSLGVALGTLAAPPVSASAQSDPASIGQPDEADTDRTGSEIVVTG
SRLQNGFNSPTPVTAVSSEQLKEASPTNLADALNQLPVFNDSLKTSNPGTTPGTGNSGQN

LLNMRGLGSRNRLVLLNGNRNFVATNFTGSVDINVLPQALVKRVDVVTGGASAAAYGSDAVS
GVINFLVDEDLEGIRAELOSGVSTRGDLPSYGGSIAGFTSFADDRHLHLLGSFEYFRQDGI
RADEATGRRWFDIAAGQYPVPGATTGVTVPDIRSSRGSYGGGLVTSGLPKGIAFLPGGVL
GTFDYGNFTSSSFQSGGDGPRVNIGFAPDQLRYNAFLRAAYDVSDTVQVYAEGTYAYSHT
NLGAFVISHVGGSNFRIFRDNAFLPAPLATLMDRNAQASIVVGRFSSDFPLVEIENFAK
VYRGAAGFRADIGNGWKLDGSASFGLTDLELRENNLTINRNLAAVDAVRDPAGNIVCRS
TLAGLDQDCVPLNLFGTGSPSASAIIDYVTADGVAQLRLEQYVAGLTISGDLGDSLSFGAG
PVSVAAGIEYRKEKARQETDAISQATTSITGIRGAPAAQAGRPGGFNLYNPLPFSGSYDI
KEGFVEIGVPILKDSALGRSLNLNGAVRYADYSQSGGVTTWKLGGYEYEPIDGLRFRATRS
RDIRGPSLVELFDPGRQATLNSIYGGQAVQTRFFTAGNADLRPEKADVLTFGAFLRPAFV
PGFQFSVDYVVKVKGAIIDFLPQQEIDACDAGNTFFCDLITENPDGTITVTGPNLNLAV
QKAAGIDFEAYSRPVGGGTFSRLALATHHTSAYRIATGSAPIRSLGQPDTPKWSANFQA
RYSTDDWALLVQQRFAASVFNADNVEGVDTNLNHAPAVWYTDATLTFDIAAFGQKQQLF
LSVNNLFDRDPPIATNDPSSFSSTSSAYDPVGRYFNVGVRFR I

>Seq ID 23 (FumK) nicht vollständig

MRLTGGELLARCLAVEGVRYVFGGLMSPEVDPLLALEDNGILFVPVRHEAAAAAYMAEGIY
KTTGQVAAIVTNPGPGTANLLPGVVTARHEGVPFVAITSQHQLGVVYPCTPKTFQGGQDI
DLFRPAVKWGAPIFAWNRIVEITHMAFREMWAGRPGPVQLEIPXSVMYVVGERGPR-KFX
DRR....

>Seq ID 25

MELSRQRDQALRERAQAVIPGGMYGHESTYLMPEGTPQFFSRGKGARLWDADGNEYVDYM
CAYGPNLLGYGFEPVEAAAAAQARGDTLTGPSEVMVQLAEDFVAQISHADWAMFCKNGT
DATSMAMVIARAHTGRKTILCAKGAYHGAAPWCTPILAGTLPEDRAFFVYDYNDAAQSLV
DAFEAHQDDVAAIFATPHRHEVFSQIDPDPEYAAVSRALCDKSGALLVVDEVVAGFRIA
RDCSWAKIGVAPDLSTWGKCFANGYPISAVLGGEKVRSAKAVYVTGSFWFSATPMAAAV
ETLKQIRETDYLERINAAGTRLREGLQQAAHNGFTLRQTGPVSMPQVLFEEDPDFRVGY
GWVRECLKRGVYFSPYHNMFLSAAHSEADLAKTLAATGDAFVELRAKLPSLEIHQPLLAL
RAA-

[0014] Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung wird das erfindungsgemäße Verfahren so geführt, dass die Mykotoxine, insbesondere Fumonisine, sauerstoffunabhängig bzw. anaerob abgebaut werden. Dadurch, dass die Mykotoxine, insbesondere Fumonisine sauerstoffunabhängig abgebaut werden, gelingt es, das erfindungsgemäße Verfahren so weiterzubilden, dass die Nukleinsäuresequenzen von Genen bzw. Enzyme ohne Zusatz von molekularem Sauerstoff sicher und zuverlässig die Abbaureaktionen durchführen, wodurch der so hergestellte Zusatzstoff in sämtlichen sauerstoffunabhängigen bzw. anaeroben Medien, wo Mykotoxine möglicherweise abgebaut werden müssen, zum Einsatz gelangen kann, wie beispielsweise in Nahrungsmitteln für Menschen und Tiere, der Bioethanolherstellung, aber auch zur Herstellung bzw. Produktion von gentechnisch veränderten, landwirtschaftlichen Nutzpflanzen.

[0015] Gemäß einer Weiterbildung wird das erfindungsgemäße Verfahren so geführt, dass das jeweilige Enzym mittels molekulargenetischer Methoden, Mutagenese oder molekularer Evolution verändert wird, und dass es wenigstens 90 % Sequenzidentität mit wenigstens einem der Enzyme der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 oder der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, aufweist. Indem das Verfahren so geführt wird, dass das jeweilige Enzym vor seinem Einsatz in dem pflanzlichen Ausgangsmaterial mittels molekulargenetischer Methoden, Mutagenese oder molekularer Evolution verändert wird, gelingt es, die Enzyme in noch stabilerer und an den späteren Einsatzzweck angepasster Form herzustellen, wodurch der Sauerstoffunabhängige Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisinen,

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

[0016] Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung der Erfindung wird das Verfahren so geführt, dass die Enzyme isoliert werden. Durch eine derartige Verfahrensführung können insbesondere Fumonisine vollständig und sauerstoffunabhängig abgebaut werden.

[0017] Gemäß einer weiteren bevorzugten Weiterbildung der Erfindung 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 beispielsweise in den Verdauungstrakt, zu transportieren, so dass erst nach Auflösung der Schutzhülle, beispielsweise im Magen-Darm-Trakt von Menschen oder Tieren, die Enzyme zu wirken beginnen, wodurch ein noch gezielter, rascherer und vollständiger Abbau der Mykotoxine im sauerstoffunabhängigen Milieu des Magen-Darm-Trakts erzielt werden kann, und gleichzeitig Mykotoxine, insbesondere Fumonisine, daran gehindert werden können, ihre schädliche Wirkung auf diejenigen Lebewesen auszuüben, welche diese mit der Nahrung aufgenommen haben.

[0018] 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, Tricarballoyl-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 25 und/oder Acetolactat-Synthase mit der Sequenz ID-Nr. 23 gewählt werden. Durch eine derartige Verfahrensführung können insbesondere Fumonisine glatt und vollständig im sauerstoffunabhängigen Milieu abgebaut werden. In diesem Fall wird bei den aus dem Gencluster der Nukleinsäuresequenz mit der Sequenz ID-Nr. 1, welche aus einem prokaryotischen Stamm mit der Hinterlegungsnummer DSM 16254 stammt, isolierten Fum-Genclustern die Transkription der offenen Leserahmen durch einen bidirektionalen Promotor gesteuert bzw. geregelt, der zwischen FumA und FumI, wie dies der nachfolgenden Tabelle 1 entnehmbar ist, angeordnet ist. Die Cluster codieren für Proteine, welche in der Regulierung der Genexpression, wie beispielsweise FumB und FumC, bei der Substratabtastung und dem Transport, wie beispielsweise FumA, FumJ, FumG und in dem Substratkatabolismus, wie beispielsweise FumD, FumE, FumF, FumH, FumI, FumK involviert sind. Aus diesen Nukleinsäuresequenzen, welche für spezielle Gene bzw. Enzyme 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.

[0019] In diesem Fall werden beispielsweise 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 DSM 16254 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 der nachfolgenden Fig. 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.

[0020] In der nachfolgenden Tabelle 1 ist die Bezeichnung der Gene des fumonisinkatabolischen Genclusters aufgeführt, wobei O die Orientierung, nämlich f forward und r reverse, be-

deuten.

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
fumD	8	f	8294	9916	1623	Carboxylesterase
fumE	10	f	9876	11378	1503	Tricarballylatdehydrogenase
fumF	12	f	11494	12537	1044	Citratverwertungsprotein B
fumG	14	f	12541	13836	1296	Tricarballylatprotonensymport
fumH	16	f	13957	15027	1071	Alkoholdehydrogenase
fumI	18	r	5063	3795	1269	Aminotransferase
fuaJ	20	r	3513	679	2835	TonB-abhängiger Rezeptor
fumK	22	r	551	?	?	Acetolactatsynthase (teilweise)

[0021] Indem das Verfahren bevorzugt so geführt wird, das bei Einsatz von Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder der Sequenz ID-Nr. 25 als Cosubstrat ein Keton, insbesondere eine α -Ketosäure, eingesetzt wird, kann insbesondere beim Abbau der Aminogruppe von Fumonisin und gleichzeitigem Einsatz von einer α -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.

[0022] Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung kann das erfindungsgemäße Verfahren auch so geführt werden, dass bei Einsatz von Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9 zusätzlich wenigstens ein Adsorbens, insbesondere gewählt aus Tonmineralien, eingesetzt wird. Indem bei Einsatz von Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9 zusätzlich wenigstens ein Adsorbens, insbesondere gewählt aus Tonmineralien, eingesetzt wird, kann auch ohne Zusatz von weiteren Enzymen ein vollständiges Unschädlichmachen der Mykotoxine, insbesondere Fumonisine erzielt werden, indem in einem ersten Schritt durch die Carboxylesterase aus dem Fumonisinmolekül die zwei Tricarballylsäure-Seitenketten abgespalten werden und sogenanntes hydrolysiertes Fumonisin gebildet wird. Hydrolysiertes Fumonisin, welches ein im Wesentlichen kettenförmiges Molekül ist, kann in weiterer Folge beispielsweise an Tonerdmineralien adsorbiert werden, so dass auch in einem einstufigen, enzymatischen Abbauverfahren ein vollständiges Unschädlichmachen der Mykotoxine, insbesondere Fumonisine, erzielt werden kann.

[0023] Gemäß einer Weiterbildung wird das erfindungsgemäße Verfahren so geführt, dass der damit hergestellte Zusatzstoff in einem zu vergärenden, pflanzlichen Ausgangsmaterial bzw. in einer Maische zur Bioethanolherstellung eingesetzt wird. Indem der mit dem erfindungsgemäßen Verfahren hergestellte Zusatzstoff in einem zu vergärenden, pflanzlichen Ausgangsmaterial bzw. in einer Maische zur Bioethanolherstellung eingesetzt wird, gelingt es, dass bei der Ethanolherstellung anfallende Coprodukte, nämlich den Trester, d.h. die getrockneten Körnerreste und unlösliche Bestandteile oder die Trockenschlempe (Dried Distiller's Grains with Solubles - DDGS), von Fumonisin bzw. Mykotoxinen insbesondere in einem sauerstoffunabhängigen Milieu zu befreien.

[0024] Die Erfindung zielt weiterhin auf einen Zusatzstoff zum enzymatischen Abbau von Myko-

toxinen, insbesondere Fumonisinen, ab, mit welchem es sicher und zuverlässig gelingt, derartige Mykotoxine insbesondere sauerstoffunabhängig abzubauen bzw. zu detoxifizieren.

[0025] Zur Lösung dieser Aufgaben ist ein derartiger Zusatzstoff dadurch gekennzeichnet, dass wenigstens ein Enzym der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21 und 25 sowie eine Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, oder wenigstens ein kompletter, diese Synthese enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus zur Expression dieser Enzymsequenzen sowie gegebenenfalls zusätzlich wenigstens ein Cosubstrat für wenigstens eines bzw. einige der eingesetzten Enzyme und ein inerter Träger enthalten sind.

[0026] Ein derartiger Zusatzstoff, in dem wenigstens ein Enzym oder ein kompletter, diese Sequenzen enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus zur Expression dieser Enzymsequenzen 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, abbaut und somit detoxifiziert. Durch den Einsatz eines erfindungsgemäßen Zusatzstoffes, welcher im Wesentlichen aus isolierten Enzymen sowie gegebenenfalls deren Cosubstraten und Trägern besteht, 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.

[0027] Darüber hinaus können Probleme, welche gemäß dem Stand der Technik durch den Einsatz vermehrungsfähiger Keime auf landwirtschaftlichen Rohprodukten entstanden sind, mit Sicherheit hintangehalten werden und überdies weisen Zusatzstoffe, welche nur isolierte Enzyme enthalten, sowohl eine bessere Eignung zur Formulierung für eine 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 Zusatzstoff gemäß der vorliegenden Erfindung dahingehend bevorzugt weitergebildet, dass durch molekulargenetische Methoden, Mutagenese oder molekulare Evolution veränderte Enzyme eingesetzt sind.

[0028] Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung ist der Zusatzstoff 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, 19, 21 oder 25 sowie 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 oder 25 sowie der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, aufweist, gelingt es, neben den bevorzugt abzubauenen Fumonisinen auch weitere Mykotoxine sicher und zuverlässig sauerstoffunabhängig abzubauen, wodurch eine weitgehende Entgiftung der beispielsweise auf pflanzlichen Rohprodukten vorhandenen Mykotoxine, insbesondere Fumonisine, erzielt werden kann.

[0029] Indem der Zusatzstoff 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 beispielsweise im Magen-Darm-Trakt ihre Wirkung entfalten.

[0030] Indem der Zusatzstoff 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 Citratverwendungsprotein mit der Sequenz ID-Nr. 13, Alkohol-Dehydrogenase mit der Sequenz ID-Nr. 17, Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 und/oder ID-Nr. mit 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 wer-

den kann, dass keine unerwünschten Nebenreaktionen bei Einsatz der Enzyme auftreten.

[0031] Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung der Erfindung ist der Zusatzstoff so ausgebildet, 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 α -Ketosäure als Cosubstrat und ein inerte Träger enthalten sind. Indem der Zusatzstoff eine Carboxylesterase, eine Aminotransferase und eine α -Ketosäure als Cosubstrat neben einem inerten Träger aufweist, gelingt es insbesondere, Fumonisine, welche in Nahrungsmitteln 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 α -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 beispielsweise Säuger völlig ungefährliches 2-Keto-hydrolysiertes Fumonisin entsteht, welches unverändert ausgeschieden werden kann, und als Nebenprodukt Alanin gebildet wird, welches ebenfalls keinerlei negative Eigenschaften beispielsweise auf einen Organismus ausübt bzw. aufweist.

[0032] Gemäß einer bevorzugten Weiterbildung der Erfindung ist der Zusatzstoff derart weitergebildet, dass eine Carboxylesterase ID-Nr. 9, wenigstens ein Adsorbens, insbesondere wenigstens ein Tonmineral, sowie gegebenenfalls ein inerte Träger enthalten sind. Bei Einsatz von lediglich einer Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9 und wenigstens ein Adsorbens kann die Detoxifizierung der Fumonisine auch so geführt werden, dass lediglich die Tricarballylsäurereste abgespalten werden und das so gebildete, hydrolysierte Fumonisin an dem Adsorbens adsorbiert wird. Indem die Tricarballylsäurereste durch den Einsatz der Carboxylesterase abgespalten werden, entsteht ein im Wesentlichen langkettiges Molekül, welches leicht und zuverlässig adsorbiert werden kann, so dass lediglich durch einen gezielten Einsatz eines einzigen Enzyms eine vollständige Detoxifizierung durch insbesondere sauerstoffunabhängigen Abbau des Fumonisins und anschließende Adsorption sichergestellt werden kann.

[0033] Eine weitere Verwendung ist dadurch gekennzeichnet, dass eine Carboxylesterase, wenigstens ein Adsorbens, insbesondere Tonmineral, sowie gegebenenfalls ein inerte Träger eingesetzt werden. Unter Verwendung einer Carboxylesterase und wenigstens eines Adsorbens gelingt es, Mykotoxine, insbesondere Fumonisine, sicher und zuverlässig durch lediglich den Einsatz eines einzigen Enzyms zu entgiften, indem mit diesem Enzym bzw. mit Hilfe dieses Enzyms die Tricarballylsäure-Seitenreste von dem Fumonisin abgespalten werden und das dabei gebildete, langkettige, hydrolysierte Fumonisin in der Folge an dem Adsorbens adsorbiert wird, wodurch das Toxin sicher und zuverlässig unschädlich gemacht wurde.

[0034] Gemäß einer bevorzugten Verwendung wird der Zusatzstoff gemäß der Erfindung zur sauerstoffunabhängigen bzw. anaeroben Behandlung eines pflanzlichen Ausgangsmaterials bzw. einer Maische in der Bioethanolherstellung eingesetzt. In diesem Fall gelingt es, die in dem pflanzlichen Ausgangsmaterial bzw. Rohstoff enthaltenen Mykotoxine während der Bioethanolherstellung im sauerstoffunabhängigen Milieu sicher und zuverlässig unschädlich zu machen, so dass der Rückstand aus der Ethanolproduktion, nämlich der Trester oder die Trockenschlempe, nachfolgend entweder direkt oder nach Trocknung und Pelletierung ohne weitere Verarbeitung, insbesondere Detoxifizierung, als Futtermittel, welches frei von Mykotoxinen bzw. insbesondere Fumonisin ist, eingesetzt werden kann.

[0035] Indem gemäß einer Weiterbildung der Erfindung der Zusatzstoff bei der Bioethanolherstellung in einem zu vergärenden, pflanzlichen Rohstoff bzw. in der Maische eingesetzt ist, wobei der Zusatzstoff so gewählt ist, dass die darin enthaltenen Enzyme vollständig aus Bakterien stammen, die den Katabolismus von Fumonisin über einen hochspezifischen Abbauweg katalysieren, gelingt es, sie mit hoher Spezifität, Aktivität und Effizienz einzusetzen, wodurch der Zusatzstoff auch in einem sauerstoffunabhängigen Milieu technologisch angewandt werden kann.

[0036] Die Erfindung wird nachfolgend anhand von Ausführungsbeispielen sowie Figuren näher dargestellt. In diesen zeigt:

- [0037]** Fig. 1 den Fumonisin-katabolischen Gencluster,
- [0038]** Fig. 2 die Michaelis-Menten-Kurve für Fumonisin-Carboxylesterase FumD,
- [0039]** Fig. 3 eine Abbaukurve von hydrolysiertem Fumonisin B₁,
- [0040]** Fig. 4 die Umwandlung von Fumonisin FB1 in hydrolysiertes Fumonisin HFB 1 nach Zugabe von Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9 zeigt, und
- [0041]** Fig. 5 den Abbau von hydrolysiertem Fumonisin HFB1 durch Zusatz von Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19.
- [0042]** 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 prokaryotischen 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

BEISPIEL 1: DIE ENZYMKINETIK VON FUMONISINCARBOXYLESTERASE.

[0043] 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 FB₁ 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 B₁ (FB₁) und hydrolysiertes Fumonisin B₁ wurden quantifiziert basierend auf einer Kalibrierung mit den gereinigten Referenzsubstanzen und einem vollständig ¹³C markierten, internen FB1 Standard.

[0044] Fig. 2 zeigt die Michaelis-Menten-Kurve für die Hydrolyse von Fumonisin B1 (FB1) durch Fumonisin-Carboxylesterase FumD, welcher 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 FB₁-Bildung berechnet wurde. Da hydrolysiertes FB₁ aus FB₁ in einer zwei-stufigen Reaktion über partiell hydrolysiertes FB₁ mit lediglich einer Tricarballoylsäure-Seitenkette, die zurückbehalten wurde, und einer Seitenkette ausgebildet wird, die abgespalten wurde, war die Endproduktbildung bei hohen Substratkonzentrationen verzögert. Die Michaelis-Menten-Konstante K_M wurde als 0,90 µmol/l berechnet, was 650 ppb äquivalent ist, und die Umwandlungszahl war 900 pro Sekunde.

[0045] Aus Fig. 2 ergibt sich, daß Fumonisine mit der Carboxylesterase in den relevanten Konzentrationsbereichen rasch und vollständig hydrolysiert werden können.

BEISPIEL 2: DIE KATALYTISCHE AKTIVITÄT VON HFB1 (HYDROLYSIERTES FUMONISIN B1) AMINOTRANSFERASE

[0046] Sequenzen ID-Nr. 18 und 24 wurden 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 wur-

den 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 Fumonisin zu 2-Keto-HFB₁ beobachtet werden, wie dies in Fig. 3 dargestellt ist. Diese Substanz ist für Säuger vollständig unschädlich.

BEISPIEL 3: ENZYMAKTIVITÄT IN DARMMILIEU

[0047] Zur Überprüfung der enzymatischen Aktivität von FUM-Carboxylesterase im Verdauungstrakt wurden schlachtfrische Schweinedärme verwendet und unter Ausschluß von Sauerstoff ins Labor transportiert und in einer anaeroben Sterilwerkbank untersucht. Etwa 10 cm 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 verdünnt 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.

BEISPIEL 4: ERMITTLUNG DES TEMPERATURBEREICHES DER AKTIVITÄT VON FUMONISIN-CARBOXYLESTERASE

[0048] 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.

BEISPIEL 5: BESTIMMUNG DES PH-BEREICHES DER AKTIVITÄT VON FUMONISIN-CARBOXYLESTERASE

[0049] Zur Bestimmung des pH-Bereichs, in dem Fumonisin-Carboxylesterase aktiv ist, wurde Teorell-Stenhagen-Puffer verwendet. 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. im Zuge der Verarbeitung von Lebens- und Futtermitteln ermöglicht.

BEISPIEL 6: FÜTTERUNGSVERSUCH MIT FERKELN

[0050] Der Versuch wurde in einem Versuchsstall mit 12 Buchten für jeweils 10 Tiere durchgeführt. Der Stall war ausgestattet mit Spaltenboden, 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.

[0051] 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 ver-

teilt. Alle Ferkel entstammten dem österreichischen Zuchtprogramm ÖHYB (= (Edelschwein x Landrasse) x Pietrain).

[0052] 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:

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, inerte Carrier) 1 kg/t Futter

[0053] 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

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	

BEISPIEL 7: ENZYMATISCHER ABBAU VON FUMONISINEN IN DER BIOETHANOLMAISCHE

[0054] Proben von Maismaische zur Bioethanolherstellung wurden genommen und bei 30 bis 65 °C unter Rühren inkubiert, wobei der Abbau von Fumonisin B1 nach Zugabe von 770 Units Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9 pro Kubikmeter Maische unter Rühren (Rührzeit in Minuten) untersucht wurde. Proben wurden nach der Probennahme durch Aufkochen inaktiviert und danach für die Analytik abzentrifugiert und ein Aliquot des Überstandes abgedampft. Der Rückstand wurde in 200 µl Probenpuffer, der C13-markierten, internen Fumonisin-Standard enthielt, aufgenommen, 1,5 min geschüttelt, abzentrifugiert und dann einer LC-MS-Analyse unterzogen. Hieraus ergibt sich, dass, wie dies in Fig. 4 dargestellt ist, Fumonisin FB1 vollständig in hydrolysiertes Fumonisin HFB1 umgewandelt wird. Nach Zusatz von Aminotransferase ID-Nr. 19 wird das hydrolysierte Fumonisin HFB1 vollständig zu unschädlichen Bestandteilen abgebaut, wie dies in Fig. 5 dargestellt ist.

BEISPIEL 8: ABBAU VON FUMONISINEN UND IHREN DERIVATEN IN MAISTOR-TILLABREI UND CORNFLAKESBREI.

[0055] Die Wirksamkeit der Fumonisin-abbauenden Enzyme wurde in Maisbreiproben ("corn

grits") für die Maistortilla- und Cornflakes-Herstellung untersucht. Fumonisin-kontaminierter Mais (ca. 1 ppm) wurde zu Maismehl vermahlen, mit Wasser versetzt und aufgekocht. Für die Tortilla-Herstellung wurde der auf ca. 50 bis 60 °C abgekühlten Maisbrei mit einer Mischung von Proteinasen in alkalischer Lösung versetzt. Nach 30 bis 180 min, wenn der pH unter 9, vorzugsweise unter pH 8, gefallen ist, wurde eine Mischung aus Carboxylesterase und Aminotransferase (jeweils 500 - 1000 Units/m³) hinzugefügt und für weitere 30 bis 60 min inkubiert. Im Falle der Cornflakes-Herstellung wurde ein Maisbrei aus gemahlenem Mais und Gerstenmalz für ca. eine Stunde im Druckgefäß aufgekocht; nach Abkühlung unter 60 °C (vorzugsweise 50 °C) wurde eine Enzymmischung, bestehend aus Carboxylesterase und Aminotransferase (jeweils 500 - 1000 Units/m³), hinzugefügt und für weitere 30 bis 60 min inkubiert. Aus dieser Mischung wurden dann Proben gezogen und auf FB1- bzw. HFB1-Rückstände wie in Beispiel 7 untersucht. HFB1-Levels waren in sämtlichen Proben unter 80 ppb, offensichtlich wurde das aus FB1 entstandene HFB1 kontinuierlich weiter umgesetzt. Die gemessenen Werte für FB1 sind in der u.a. Tabelle angeführt.

TABELLE: ENZYMATISCHER ABBAU VON FB1 UND HFB1 IN MAISBREI; FUMONISINKONZENTRATION IN PPB (µG/KG)

Behandlungszeit mit Enzymmix (min)	Tortillabrei (40 °C, 500 Units)	Tortillabrei (50 °C, 1000 Units)	Cornflakesbrei (35 °C, 500 Units)	Cornflakesbrei (40 °C, 1000 Units)
0	852	866	912	1053
10	116	134	51	97
30	32	71	17	37

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Erber Aktiengesellschaft

<120> Verfahren zur Herstellung eines Zusatzstoffes für den
enzymatischen Abbau von Mykotoxinen sowie Zusatzstoff und
Verwendung desselben

<130> P04227

<140> A8024/2009

<141> 2009-09-18

<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

tgctcgcgat crgtaaactt ctaccgtggt cctcgttcgc ccacakcata catcacagac	60
rtcgggattt ccaactgaac ggggtcccggc ctgccggccc acatttcccg gaacgccata	120
tgggtgattt cgacaatccg gttccaggcg aagatgggtg cgccccattt aaccgcgggt	180
cgaagaggt cgatctggtc ttgtccctga aaggtttttg gcgtgcaggg ataaacgaca	240
ccaagttgat gctgggacgt tattgcgacg aagggaaccc ctctgtggcg tgccgtcacg	300
actccaggca gaaggtttgc cgtaccggga cccggattcg tgacaatcgc ggcgacctgt	360
ccggtggtct tgtaaatgcc ctcgcccata taggtgcg cgccctcgtg ccgcaccggg	420
acgaacaata tcccattgtc ttcgagcgca gccaggagcg gatccacctc cggcgacatg	480
aggccgaaga cataccggac gccttcgacg gccaaacatc gtgccaataa ttctccgccc	540
gtgaggcgca tgacgatctc cagtacgaaa ggtgagtgcc caggttcccg cacattcgct	600
gtggttagtt gatgcgctga 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
cgcgatgtcg aaggtcaatg tcgcgtcggg gtaccaaacc gccggagcgt ggttcaaatt	900
cgtatcgacg ccctccacat tgctggcatt gaacaccgat gctgcgatga agcgtgctg	960
cacgagaagc gcccaatcgt cggtcgaata tcgcgcctgg aagttggccg accattttgg	1020
cgtgtccggt tgtccgagcg aacggatggg cgccgagccg gtcgcgatgc gataggcaga	1080

Seite 1

ggtatggtgc gttgccagcg cacgaagact gaacgtgccg ccgccgacgg ggcgtgagta 1140
 ataggcctcg aagtcaattc ccgccgcttt ctggacagcc aggttgagat tgggacccgt 1200
 cactgtgatg gtgccgtccg gattctccgt tatgaggctg cagaagaagg tgtttctgc 1260
 atcgcacgcy tcgatttcct gctggggaag gaggaatcg atcgcgccct tcaccttcac 1320
 cacatagcga tcgaccgaaa actgaaaccc cggcacgaag gcggggcgta gcaccgcgcc 1380
 gaatgtaagg acgtccgcct tttcagggcg caaatccgcy ttgccggcg taaagaaccg 1440
 cgtctgcaca gcctgtccgc cataaattga attgagcgtc gcctgacggc cggggtcgaa 1500
 tagctcgaca aggcttgccc cgcggatata tcgcgaacgg gtcgcgcgga acctgaggcc 1560
 gtcgatcggc tcatattctc cgcccagctt ccaggttggt actccaccgg actggctgta 1620
 atcggcatat cggacggcgc cgtttaagtt cagcgaacgt cccagcgcgc tgccttcag 1680
 aatcgggacg ccgatttcga caaaccttc cttgatgtca tagcttcccg agaagggag 1740
 tgggttgtag agattgaagc ctccaggccg acctgcctgc gccgccggag cccccctgat 1800
 tcccgatgc gaggtcgtcg cctgcgatat cgcgtcgggt tcctgccggg ctttctcctt 1860
 gcgatattcg ataccagcgg cgaccgagac cggggccgcg ccgaacgaca ggctatcgcc 1920
 gaggtcggcg gaaatcgtga gtcccgccac atattgctca agcctcagct gagcgacgcc 1980
 atcagcggtg acatagtcga tggccgacgc gtcggcgag cctgtgccga agagattgag 2040
 cggcacgcaa tcttggtcga ggccggccag tgttgaaagg cagacgatat tgcccgcggg 2100
 atcgcggacc gcatcgacgg cggcgtagag attgcgggtg atggtgagat tgttttcacg 2160
 aagctcgagg tccgtaaggc caaaggaggc cgagccatcg agtttccagc cattgccaat 2220
 gtctgcccgg aagccggcag cgccgcggtg gacctttgcg aaattctcga tttcgaccaa 2280
 gggaaagtcg cttgagaagc gaccgacaac gatcgaagcc tgggcatttc tgtccatgag 2340
 cgtcgcgagt ggagccggaa ggaaggcgtt atcacggaag atccggaaat tattcgagcc 2400
 accgacatgc gatattacga atgcaccag gttggtgtgg gaataagcat aggtgccctc 2460
 cgcatacacc tgcacagtgt cggacacatc atatgcggcg ctaggaacg cgttgtagcg 2520
 aagctgatcc ggggcgaagc cgatattcac gcgcggtcca tcgccgccgc tctggaacga 2580
 cgagctcgta aaattcccgt agtcgaaggt ccctaggact cctccgggca aaaacgcgat 2640
 gcctttcaga gggccggacg tgacaagtcc gccgtaggat ccgcgagaac tgcgaatata 2700
 gggcacgacc gtgacgcctg tcgtagcgcc gggcacggga tattggccgg cggcgatgtc 2760
 gaaccagcgg cgacccgttg cttcatcggc ccggattccg tcctgtcgaa aatattcgaa 2820
 gctgccgagc aagtgcgaac ggtcgtcggc aaacgaagtg ccgaaggcga tcgaaccgcc 2880
 gtaggacggg aggtcgccgc ggggtgaaac acccgactgg agctcggccc tgatgccttc 2940
 cagatcttcg tcgagcacga agttgatgac gcccgaaacg gcatcggaac cgtaggcggc 3000
 cgaggcgccg ccgctcacga catcgacgcg cttgaccaac gcctgcggca gcacgttgat 3060
 atcgaccgag cctgtgaaat tggtcgcgac gaaacgggtt ccgttcagca ggacgaggtt 3120

ccggtttgac ccgaggccgc gcatgttgag caggttctga ccgctgttcc ccgttccggg 3180
 tgtcgtgcca 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
 ggagagaca ggaaatgcga gggtgccgag cgctactgcg ccgagcaaac tatttgctt 3480
 gccgggcttt tcgattctga acttccgata catctgcagt ccctcccgaa ttgataggga 3540
 ctccgtttga gtcccttgt ttcttgacgc cgccgtcgct caccacggtc cggtcggagg 3600
 ctaagcgtcg ggcctaagga ccgcaattt gaacatcaaa tgcaatgatc ggaggcttca 3660
 ttgcacttcg cgcatagacc ggcgcggtag ctgaaagtgc caataatcag ggattttgct 3720
 gaacagttgc ggcatgacgt ccggcatcgg ccacgcgggt ggccggcatc acgtggcttt 3780
 cgctgcgcg cccctcaagc accggcgagt tgcatataaa tgggatgagg ctggagagac 3840
 gcaaaatctc tgaggaccgc gctgaacgcg cgatccgtcg cctcgagggt ctccgttaca 3900
 tcgtcaactg tatgggccgc agagagaaac atattgtgat agggatgaac atagacgccg 3960
 cccttcaggc acgccgcggc ccacgcatag ccgatccgaa aatcgggatc gtccgcaaag 4020
 aatattttcg gcatctgcgc cgggcccgtc tgcttcaact caagaccatg gcgctgagac 4080
 tgtgcctcca ggcctgcccg cagggcgccg ccgctggcga tcagcgtttc gagataaggc 4140
 gtctctcgaa tgatcctgag ggtttcgatc gcggccgcca tcggtaccgc agagaaccag 4200
 aaggagccgg tcacaaatat atcccgcgcc gcatcgcgcg cttgttctga gccagcagg 4260
 gcggagatcg gatagccatt cgcaaagcat tttcccagc aactgagatc gggttcgata 4320
 cccaaatcg tccagctgca atcgcgcgcc acccggaac ctgcgcgcac atcgtaaacg 4380
 accagaagcg caccggtctc gtcacaacat tttcgagcgg tgcgcgcgaa ctcaagctgg 4440
 gcgagggcct ggtcctcaaa tacttcgtgt cggaaagggt tggcaaagac agccgcaata 4500
 tcgccatcgt gcgccttgaa cggtccgat aagctttggg cgtcgttata ggtataatat 4560
 gcgacatgca cgcatcgga agcgagaatc ccggcagtat gcggagtgtt ccacggggaa 4620
 gcgccatgat aggcgccttt ggcgcataat atggttttg cccccgtatg ggcacgcgcg 4680
 agaaccatcg ccgttgagggt ggcatcgctg ccatttttg agaacatcg ccaatccgca 4740
 tgacggacca tgcccacaaa ggcttcggcg aggttgacca tgatctccga aggaccggtc 4800
 atggtgtcgc cgagaagtgc ctgcgcatca gccgcggctt cgatttcgga ttgccggtaa 4860
 ccgagcaaat ttggcccata cgcgcacata tagtcgatat agggctgctc gtcggcgctc 4920
 caaattcgtg cccccagcgc gcgcctgaag aactggggga attctggcgg cagcaaccgt 4980
 gtcgactcgt ggccgtacat ccgcccggga atgaccggtt cggcgcgctt tctgagatct 5040
 ttctgccttg ttccgttcgc cataatgcac ctctcgcgat aaataatggg taaaaatcca 5100
 cgaaattcaa cgattcgtga tctgaaagag atatatcttg taatatactg tataattata 5160

cacaatgcgc aatcggacga cgggatagcg gggcagggag gacggggaaa tctatgcgga 5220
acgtcagcga caaggcgccg cccacgaga cgctcaccgt agtcgtcgcg gcaatgatcg 5280
ttggcacggc cgcttgatg gtgcttgaa tacagccat cttctcggc gccctttag 5340
aggagggcg tattcccgcc gaggggttg gatcggcggc aacggtgaa atactggcga 5400
tcgcgcggg aacatgcac ggacccgtt ttatgaagac gggatatctg cgggcgaaat 5460
gcgcgccact ctgcttaatg ctgcccga tcaacttcg attgacgtt ccgggtttcg 5520
atgtgccc atgtgcttg cgagcggcag cgggagccct ggaaggctt tcgctcagcg 5580
cggcgatcct gatcatgact cataatcggc ggccggaccg gctgagcgg atatttctg 5640
gcgcgagac gataccgag gtaatatctg cttatttgc cccgacggg attattccgc 5700
gctgggggag cgcagcggc ttcacgatcc tgggcattct cgcggcgatc gccgcgatc 5760
cggctctgtg ctcgtcgat cgcgttgag tcgatccgac gaccgttaac gacgacttgc 5820
agtggtcacc cgcggcgatc gtcatttca tggcgccatt cgttcaattc tcgggggtcg 5880
gtgccgatg gagctatctg gagcgactg ctgcgagca cggattttcg ggagaaacga 5940
tcggatcgc catttccgg agtttgcctt gccaggtagg cggggcttg ctggccgctt 6000
ggatcggtg gcgggtcga tatcgcttc cttaatcgc tgggagcctg cttcaggcg 6060
gcaacgtgat cgattggcg gtggccgatc agccaagctg gtttatttcc gttcctgtg 6120
ctttcggcct gttctggtg gcgatgcag cttccaaat ccgcttcgcg atcgcgatag 6180
ataacagccg gcagcttgct gtactgctga cgcgatcgc ctcgtcggg ttgagcgcg 6240
ggcccttgtt gctctctgc tttgccggg cgaccgactt gcgctggatc tttgtgggga 6300
gttcgacctt gttgctggc agcgcgctt tgatctttg cgcttctctg tttcaaccgc 6360
gcggaaagg gatcgctgaa acgggtggc tatgaaaag acggatcggg gttcgcgatg 6420
acatcgcagg tcaagcttc tagcgcggc aagcgccgc gcagtccta aagcagcga 6480
ggtcttgct gttacgagc cttgcttgat gcgaccgaca ggctgttgg cgatctagac 6540
cccgatcagg tcggtctcta tcagattgca gaggaagcg gtgcctcacc gtcgtccgtc 6600
tatcatttct tccgaccaa ggaagtggc catctcgtc tgatgcgcg ctatctggag 6660
gggctccgga atctcgacgc gatggaagc gacatcggc agctcgaaag ctggcaggac 6720
ctgatgaagt tggatcagat cagggcgca gactattata atagccacc gcccgccctc 6780
aagcttctgt tcggcggata tggcggggtc gaggccagaa agcttgacga gcgatactc 6840
gaggaaatcg tgagctccat gtatggcaga tacaacggc tttccatat gccgcaaatg 6900
gagaatgagg ctctcatgtt cacgatctg ttcgaattc tcgacgcggt atgggcccgtc 6960
tcctttcgc gggtcggtga aattacgtc gatcttctt cggaggggca agcggcttgc 7020
attgcctatt gccgacacta tctgcccag cgaacgcat cagcgtgaat ccgttcaacg 7080
atatgcagga atgtccgtt cgttgagttc ggttctgagt tcggtcggtt aggaggcccc 7140
gcgataaacc aacgctctt tgtcgaagg atgtgcctg gttcgaccg gccctgcgaa 7200

gtcagccgca atcaacgagg cagatgtcaa cgtggccagc aagttcaact gtgagttact 7260
 cgatctgcga tcatttggtg cgggtgatga aacgcgaagt tttagccacg ccgcgcggct 7320
 tctgaatcaa tcgcagcccg cgctcagccg gagaatccag cgcttcgaga gtctcgtggg 7380
 cgggtccgttg ttcgagcgga ccagtcggtc gcttgccgaa acggcgctcg gcaaagagtt 7440
 gctcccgggt gccaccgag cgttggaact tgtcgatacg tcgctgtttg cgtcgcccaa 7500
 tgtccgggag ttccgctgga cagacatcac gattgcctgt gtacagaccg ccgccttcca 7560
 tgtttctccg cgagctgcgc gcttgatcat ggatcaaaat ccgaggggtcc gactccgcat 7620
 ccttgacgtg ccggcggtcg aggtgcgga cctgggtgag agcggcgagg cggagttcgg 7680
 catcagcatt gagagcctgt tgccatcaag cctgcggttc gatgcgctcc acgaggaccc 7740
 gttcggcctg gcatgccacc gaagccatcc gctggcgctg ctcgagatcc ttgaatggac 7800
 gcaattgaaa ggtgaaagcc tgatcgccgt tcaccgtgag agccggaacc gcacgttgct 7860
 cgatgccgaa ctgcgcgcga acaatatcgc gctggaatgg cggatatgag tcgcgcacat 7920
 gacgacggcg ctgggattga tcgatgcgca attgggtgct gctgttatgc cccgcatggt 7980
 tatgccccgc tcgggtcggg cggaggtcgt ctggcgcccc gtcgtcgcgc cggtcgtcca 8040
 acgcacgata ggcacgttc agcggcgac cggctcgatg caccctgccg cacagcaatt 8100
 gcttgcgcgg ctccgcgcgg cctgggtcgt cgccaatctg ggcgacatcg cgtctcgcga 8160
 agatggggca tcgtgacacg cgttctatgc gcctgcagca tcgatgctca cgatcattgc 8220
 atttgctgag agacgaacgc gaagataccg ctgggtcaca ggatatcagt ccatcgaggc 8280
 gggagagaaa tgtgtgaaag agcaccaatg ccgtggcggc cgggcgtccc ccgctgcgcc 8340
 cgccacgtgg cttgcgcgga tcagcgtttc ccggggggcc tccgccatcg cctggacctt 8400
 catgcttggc gcaactgcca ttcccgtggc tgcgaaaact gacgatccga agctcgttcg 8460
 tcatacccag tcgggcgcgg tcgagggcgt cgagggcgac gtcgagactt ttttgggaat 8520
 acccttcgcg gctccgcggg tcggcgacct gcgatggcg ccgccggctc cgccgagggc 8580
 gtgggcgggc accagggacg gccgccgctt tgcgccgat tgcacggga acgagcggct 8640
 tagagagggg agccgggctg ccgggacgag cgaagactgc ctctatctga atatctggtc 8700
 tcccaaacag gtcggtgaaag gggggctccc cgtcatgatc tgggtttacg gcggtgggtt 8760
 tagcggcggt tctggcgcg tgccatatta tgacggctct gcgctcgcgc agaaggcggt 8820
 ggtggtcgtc acgttcaact atcgcgccgg gattctgggc tttcttgccc atccggcgct 8880
 ttcaaaggaa agtccgaatg gcgtgtcggg caactatggt cttctcgaca tgctcgcggc 8940
 gttcaaattg gttcagaaca acataaggga gttcggcgga gaccgaacc gtgtcacggg 9000
 ctttggcgag tccgccggcg cgagcgcgct cggactgctc ctgacctgc cgctcagtga 9060
 gagcgcttc aatcaggcga tactgcaaag tccgggtctg gccaggccgc tcgccacgct 9120
 ttctgaaagc gaagcgaatg ggctggagct gggagccgat atttctgctc tacggcgctg 9180
 cgatgcgggc gaattgacga agatcgcgca atcggaata cccatgtcgc gccagttcac 9240

Seite 5

caagccgcgg ccgatgggtc cgattctgga cggctatgtt ttgcgcaccc ttgacgtcga 9300
 tgccttcgcc aagggggcct tccgcaagat acccgttctg gtcggcgga acgccgacga 9360
 agggcgcgct ttacggatc gcctgccgtt caaacgggtc cttgaatata gagcctatct 9420
 cacagaacaa tttggtgacg aggcggacgc atgggagcgt tgttatcccg cgaactccga 9480
 cgccgacgtc cccgccgccg ttgccgtct ttttgggat agtcagttca acaacgggat 9540
 cgagctgctc tcggcagcct tcgcgaaatg gcgaacgccg ctttggagat atcgctttac 9600
 gggcattcca ggagccggcc gtcgccccgc cagcatgga gacgaaattc cctatgtctt 9660
 cgcaaatctg gggccgtcgt ccgtatctat gtttgggtcg ctcgaaggcg gcgccggggc 9720
 gtcggacatc aaacttgcca ccgaaatgtc cgggccttg gtgagcttcg cggtcacgg 9780
 ggtccccgat cagggcacga aatcgactg gccgcgttc gagcggcgag gggagatcat 9840
 gacttttggg tcgcaggttg gctctgggga aggtcttga gtttcgccga gcaaagcctg 9900
 ccaaccctca aaatagcgcc cggcctgtgc gtgcttcagc acgccgtccc gctttgcggg 9960
 cgacgggctg tgccctctgc ctagaaggaa gtaagttgcg ctacgacgtc gcgataattg 10020
 gaggtggcaa cgctgcattg acggcagccg tgacggcgcg tgaagcgggg gcctcggttc 10080
 ttgtgatcga gcatgcgccg cgcgccatgc gcggcgcaa cagtcgtcac acacgcaata 10140
 tgcgtacgat gcacgaacgt cccctgtcgc cggtgaccgg tgaatattcg gcggacgaat 10200
 attggaatga tctgtccgc gtcacggggg ggcgcaccga cgaagaactc gcgcggctcg 10260
 ttatccgcaa caccaccgac gctattccct tcatgacgcg ctgcggtgtg cgtttccagc 10320
 cctcgtgtc gggcacgctg agtttatcgc gaaccaacgc attcttcctt ggcggcgggg 10380
 aggcgcttgt aaacgcatat tacgccacgg ccgaacggct aggcgtcgat attctctatg 10440
 attctgaggt gaccgagatc aaccttcagc aaggcgtcgt gcagcgtctg caattgcgca 10500
 gccggggatt ccctgtcgaa gtggaagcca aggtgccat cgcctcgtcc ggaggattcc 10560
 aggcaaatct tgactggctc tcaagcgcat gggggcctgc tgcggcgaac ttcacgtac 10620
 ggggcacgcc atatgcgact ggcacgggtc tcaagaacct gttggagcaa ggcgtcgcct 10680
 cgggtggaga tccaacccaa tgccatgctg tcgcgatcga tgggcgagcg cccaaatacg 10740
 acggcggcat cgtcacacga ctggactgcg ttcccttctc gatcgtcgtc aacaaggacg 10800
 ccttgcgctt ctacgatgaa ggcgaagatg tgtggccgaa gcgttacgcc atatggggtc 10860
 gcttgggtggc acagcagcct gatcagatcg ctttcagcat aatcgatcgg caggccgaag 10920
 acctttcat gccgtcagtg ttcccccccg tgcaagcgga cagcatcgcg ggtctggccg 10980
 agaaactcgg tctgaatccc gtaaccctgg aacgcacggg ggccgaattc aacgccgcat 11040
 gcgtgcccg cgaattcggc ggccaagatc tcgacgacct ccacaccgag ggaatcgaac 11100
 caaagaaatc caactgggccc cgaccgatta ttgtgcccc gttcagcgcc tatcctctcc 11160
 ggccccggat caccttcacc tatctcggcg tcaaggtaga cagccgtgcg cgggtcatca 11220
 tggagacagg tgagccgaca aaaaacctgt ttgcttcggg ggaaataatg gcgggcagca 11280

ttctcggcca aggttatctc gctggatttg gaatggcgat tggtagcgta ttccggccgca 11340
 tcgagggttg ggaggccgca cgtcatgcag gattttgatc tcgtaaaaaat gctgtctgac 11400
 ttgccgtcgg cgccggagct ggaagccagg cgcgttatgg aggtgtgcaa cgcgtgccgc 11460
 tattgcgaag ggttctgcgc ggtatttcct gcaatgacct tgcagcgtca ttccgccagc 11520
 ggcgatctca gccacctcgc caatctctgc cactcgtgcc aagggtgcta ttacgcctgc 11580
 caatacgccc ctccgcatga gtccggaata aacgttccaa aggcgctgtc ggagttgcgg 11640
 ctcgagagct acgagcagca tgcttgccc cggccggtcg ccgctctcta tcgcaagaat 11700
 gcgctcatca ttccatctt gtccggcgca tgcataaccg gcgtccttct gcttgccgcc 11760
 atcttcaacg gggatgcact ttccgcaaa cagcatcgg tgcccgccgg cgggttttac 11820
 aacgttatct cttatcaggc gatgattgcc gtcggcgca ccacatttct ttattccgcg 11880
 ctggcgctgg cgatcagctt cgttcgcttt tcgcgacga tcggtctggg aattaagggt 11940
 ctttatcagc acgtgccggt tcttcgggcg ctacgcgatg cggcgactct gcgatatctc 12000
 ggcggcagcg acggcgaggg gtgtaacgac gcggacgaga cattttcgac gaccggcgca 12060
 aaatttcac acgcccttgc ctatggcttc ggactttgtt tcgcgccac agccacgggc 12120
 acgatctac atcatatgtt cggctggccg gcgccctatg cgcttttcag cttgccggtc 12180
 gtcctagga cgttggggg gatcggaatg gtcgtggcg cgatcggcct actctggctc 12240
 aagctggccg gcgaagacgc tcctgatca ccggcactgc ttgggcccga tgttgccctg 12300
 ttgggtgctt tgcttgccat agcggaacg ggcctcctcc ttttagcgg ccgcagcacc 12360
 gaagtcatgg gcgtcgcgt cgccgtccat ctcggcgctg tcttgccctt ctttttggtg 12420
 atgccataca gcaatttgt ccacggtatc ttcaggctca cggctctcgt gcgccatcat 12480
 gctgaccgag aggcaagtaa tggcttcgcc tccagccctc ccacgaaaaa gggtaaaaca 12540
 atggaacata tgaagtccgt tcgcgatcgc agtagcgtca tgcagatcgt gagagtggcg 12600
 agtggaact gtctcgagca atatgatttc ttcgtttacg gcttctatgc ggcataat 12660
 gcgagaagct tttttccgac cggcgataac gcgacatcgc tcatgcttcc attggccact 12720
 tttggcgctg gtttcctcat gaggcccttg gggcgattt ttctcgggtc ctacatcgat 12780
 cgcgtcgggc gtcggaaagg cctgatcgtg aactcgcga tcatggccgt cggaaccctc 12840
 accattgcga tgactccaag ctatgaggca attggattac tcgcaccggt tatcgtgctc 12900
 gtcggcgac ttttgaggg tttttccgct ggagcagagt cgggtggcgt ctcagtgtac 12960
 ttggcgaaa ttgcgtgcc caaatcgaga ggcttcttca cctcgtggca gtctgccagc 13020
 cagcaggtgg ccgtcatgat cgccggcg atcggctctg cgctgcaatc aacgctttca 13080
 ccggagcaaa tgaacgactg gggatggcg gtgcccctgt tgatcgatg cttgattatc 13140
 cccgtgatac tctggctgcg ccggtctctc ccgaaacga aagcctatct ccacatggag 13200
 cacaaggcgc attcgatcgg cgaatccctc cggaattgc aacagagctg ggggctgatc 13260
 ttgacgggca tggcgatgct gatcctcacg acgaccacct ttacatgat taccgcctat 13320

Seite 7

acgccgacat ttggcgagaa agcactcgga ctgagcccg aagatgtcct gctgggttacc 13380
 atcatggctg gcgtgtcgaa ctccctgtgg ctcccgatcg ggggtgctct ctcggatcgt 13440
 atcggtagaa ccccgatcct actggctgtg ccggtcaccg ttctcgccat cgcctttccc 13500
 ctgatgagct ggctcgtcgc ggcaccgaca ttccggagcg ttgcagctgt tctgctgact 13560
 ttctccgcat gctttggact ctataatggg gcgctcatcg cgagactcac cgagattatg 13620
 cctcccgcca ttagaaccct tggcttctcg ctggcggtca gtctcgcgac ctcgctgttc 13680
 ggcggcttca ccccatgtgt aagtacggcg ctaatccacg cgacgggcag caattccgcg 13740
 cctgcaatct ggctctgttt tgcggctttc atcagcttcg tcgggtgtggc cgcacgcacc 13800
 cggctgagcc ggccaatcgc cgaaggcgcc agataggaca atcagagaat gcccggtgcg 13860
 caatgaagcg agattcgggc ggtagggtgcg ctggcggcac ttcgcaaga gccgttgcg 13920
 acggctgaaa cgatgatggt atgaatgggc taagacatga gagcagtagt ttaccgaaat 13980
 ggcgaacttg tcttgggggc ctatgctgat ccgatacccg ccgcccggca ggtgctcgtc 14040
 aagaccagag catgcggcat ctgcggatct gaccttcatt ttgcatca tgcgcaggcg 14100
 ttacgaacc ttgcatcgcg ggcgggtatc gcctctatgg aagttgattt gtgtcgagac 14160
 atcgttctgg ggcatgaatt ctgtggcgag attatggagt tcgggccctc tgcggatcgt 14220
 cgcttcaaac ccggacagct tgtgtgctcg ctgccgctgg cgatcggtcc gaccggagcg 14280
 cggacgattg gctactcgga tgagtatccc ggcgggctcg gcgaatatat ggtcctcacg 14340
 gaagcgctct tgctgcctgt tccgaacggc ctccggcgga cctgcgcggc gttgacggag 14400
 ccgatggcgg tgggatggca tgccgtcgag atcgcgagg ttcaaccaca tcacatecct 14460
 gtggtgatcg ggtgcggacc ggtcgggttg gcagtcgtcg ctgccctgaa acataagcaa 14520
 gttgctccga ttattgcgtc ggatccatcg cccgatcggc gtgctcttgc tctgcggatg 14580
 ggcgcgcagc ccgttgtcga tccgcgcgaa gaatcacctc ttcccgaggc cgagaagatc 14640
 gcacgcccgg tcggacaagg tggggccctg tccagctcat tgctgtcaaa gtctcaaatg 14700
 atattcgaat gcgtaggggt gccgggcatg ctccggcatg cgatggacgg cgcgtccgac 14760
 gggctccgaga tcatggtcgt tggcgcatgc atgcagccgg acgcgatcga gcccatgac 14820
 gggatgttta aagcgctcac gatcaaatc tcgcgaactt acacgggtga ggaattcgcc 14880
 gcggtgcttc acatgatagg tgagggcgca ctcgacgtat ctccgctcgt taccgatgtg 14940
 attggcctgt ccgatgtccc gtccgcgttt gaggtcttac ggagtccagg cgcccaagca 15000
 aaagtgattg tggacccttg gcgctgagcc tgaggatgcc aagggtgcga cgttgggcat 15060
 cgtcaaagaa ggcgacgttg acccggtatg tgaacatccc catattcttc cgcagctgaa 15120
 gcagttggta aacatgcaa aatatgaact gtagtattgc gtcgggggtc tcattgtggg 15180
 gtttgccatt gtcacgctc gcacccggcg acaagatta gatgtacttc cgataatccg 15240
 tgctctcgac ctggccttcc ttcatatatt tcaggacctc tccgaccatg cgtgcggcgc 15300
 ggatcgggat cggcaggcgt tggttcatct gggctcgagt ccagttgatc ttcgtaagag 15360

agaacacctc ctcggctaac tgcgccgagg tactatcgca ggatcgcttc gagcgtycgc 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 caccgagcgc tcaccgtagt cgtcgcggca 60
 atgatcggtg gcacggccgc cttgatggtg cttggaatac agcccatcct tctcggcgcc 120
 cttgtagagg aggggcgtat tcccgccgag ggggtgggat cggcggcaac ggtggaaata 180
 ctggcgatcg cggcgggaac atgcacgga cccgttctta tgaagacggg atatctgcgg 240
 gcgaaatgcg cggcactctg cttaatgctc gccgcaatca acttcggatt gacgttgccg 300
 ggtttcgatt tgcccatcgt ggcttgccga gcggcagcgg gagccctgga aggtctttcg 360
 ctcagcgagg cgatcctgat catgactcat aatcgccggc cggaccggct gagcggaaata 420
 tttctgggag cgcagacgat accgcaggtg atatctgctt atttgctccc gacggagatt 480
 attccgcgct gggggagcgc aggcggcttc acgatcctgg gcattctcgc ggcgatcgcc 540
 gcgatcgagg ctctgtgcct cgtcgatcgc gttgagctcg atccgacgac cgtaaacgac 600
 gacttgcagt ggtcaccgac ggcgatcgtc atttcgatgg cggcattcgt tcaattctcg 660
 ggggtcgggt ccgcatggag ctatctggag cgactggctg cgcagcacgg attttcggga 720
 gaaacgatcg gtatcgccat ttccgggagt ttgctttgcc aggtaggcgg ggcttggtcg 780
 gccgcttggg tcggtgggag ggtcggatat cgcttcgcct taatcgctgg gagcctgctt 840
 caggcgggca acgtgatcgc attggcgggt gccgatcagc caagctgggt tatttccgct 900
 tcctgtgctt tcggcctgtt ctggttggcg atgcagccct tccaaatccg cttcgcgatc 960
 gcgatagata acagccggca gcttgctgta ctgctgacgc cgatcgccct cgtcgggttg 1020
 agcgcggggc ccttggtgct ctctcgcttt gccggggcga ccgacttgcg ctggatcttt 1080
 gtggggagtt cgacctgtgt gctggccagc gcgcttctgt atctttgcgc ttctctgttt 1140
 caaccgcgag gaaaggatgat 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 cgcgcagtc taaaagcgag	60
cgaggtcttg ctcgttacga gtccttgctt gatgcgaccg acaggctgtt ggtcgatcta	120
gaccccgatc aggtcggctt ctatcagatt gcagaggaag cgggtgcctc accgtcgtcc	180
gtctatcatt tctttccgac caaggaagtg gtcctctcgc ctctgatgcg ccgctatctg	240
gaggggctcc ggaatctcga cgcgatggaa gtcgacatcg gccagctcga aagctggcag	300

gacctgatga agttggatca gatcagggcg cgagactatt ataatagcca cccgcccgcc 360
 ctcaagcttc tggtcggcgg atatggcggg gtcgaggcca gaaagcttga cgagcgatac 420
 tccgaggaaa tcgtgagctc catgtatggc agatacaacg gcattttcca tatgccgcaa 480
 atggagaatg aggcctctcat gttcacgata tgcttcgcaa ttctcgacgc ggtatggggc 540
 gtctcctttc gccggttcgg tgaaattacg tcggattttc ttcggggagg gcaagcggct 600
 tgcattgcct 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 gatctgcat catttggtgc ggtgtatgaa 60
 acgcgaagtt ttagccacgc cgcgcggctt ctgaatcaat cgcagcccg gctcagccgg 120
 agaatccagc gcctcgagag tctcgtgggc ggtccgttgt tcgagcggac cagtcgggtcg 180
 cttgccgaaa cggcgctcgg caaagagttg ctcccggtcg cccaccgagc gttggaactt 240
 gtcgatacgt cgctgtttgc gtcgccaat gtccgggagt tccgctggac agacatcacg 300
 attgcctgtg tacagaccgc cgccttccat gttctccgc gagctgcgcg cttgtacatg 360
 gatcaaaatc cgaggggtccg actccgcatc cttgacgtgc cggcgggtcga ggctgcggac 420
 ctgggtgcga gcggcgaggc ggagttcggc atcagcattg agagcctgtt gccatcaagc 480
 ctgcggttcg atgcgtcca cgaggacccg ttcggccttg catgccaccg aagccatccg 540
 ctggcgtcgc tcgagatcct tgaatggacg caattgaaag gtgaaagcct gatcgccgtt 600
 caccgtgcga gccggaaccg cacgttgctc gatgccgaac tcgcgcgcaa caatatcgcg 660
 ctggaatggc ggtatgaggt cgcgcactcg acgacggcgc tgggattgat cgatgcgcaa 720
 ttgggtgtcg ctgttatgcc ccgcatggtt atgccccgt cgggtcggtc ggaggtcgtc 780
 tggcgccccg tcgtcgcgcc ggtcgtccaa cgcacgatcg gcatcgttca gcgccgcacc 840
 ggctcgatgc accctgccgc acagcaattg cttgcgcggc tccgcgcggc ctggctcgtcc 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 (fumb)
 <222> (1)..(1623)

<300>
 <308> FJ426269
 <309> 2009-06-11
 <313> (1)..(1623)

<400> 8
 gtgaaagagc accaatgccg tggcggccgg gcgtcccccg ctgcgcccgc cacgtggctt 60
 gcgcgggatca gcgtttcccg gggggcctcc gccatcgctt ggaccttcac gcttggcgca 120
 actgccattc ccgtggctgc gcaaactgac gatccgaagc tcgttcgtca taccagtcg 180
 ggcgcgctcg agggcgctga gggcgacgtc gagacttttt tgggaatacc cttcgcggct 240
 ccgccggtcg gcgacctgcg atggcggccg ccggctccgc cgagggcggtg ggcgggcacc 300
 agggacggcc gccgctttgc gcccgattgc atcgggaacg agcggcttag agaggggagc 360
 cgggctgccg ggacgagcga agactgcctc tatctgaata tctggtctcc caaacaggtc 420
 ggtaaggggg ggctccccgt catgatctgg gtttacggcg gtgggttag cgcggttct 480
 ggcgcggtgc catattatga cggctctgcg ctcgcgcaga agggcggtgt ggtcgtcacg 540
 ttcaactatc gcgccgggat tctgggcttt ctgcccacg cgcgctttc aaaggaaagt 600
 ccgaatggcg tgcgggcaa ctatggtctt ctcgacatgc tcgcggcggtt caaatgggtt 660
 cagaacaaca taaggaggtt cggcggagac ccgaaccgtg tcacggctct tggcgagtcc 720

```

gccggcgcca gcgcgctcgg actgctcctg acctcgccgc tcagtgcgag 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 tgccgggtcaa aacgggtcctt gaatatcgag cctatctcac agaacaattt  1140
ggtgacgagg cggacgcatt ggagcgttgt tatcccgcca 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 tatctatgtt tgggtcgctc gaaggcggcg ccggggcgtc ggacatcaaa  1440
cttgcgaccg aaatgtccgc ggcttgggtg agcttcgcgg tgcacggggt ccccgatcag  1500
ggcacgaaat cgcactggcc gcgcttcgag cggcgagggg agatcatgac ttttggttcg  1560
caggttggtc ctggggaagg tcttgagatt tcgccgagca aagcctgcc aacctcaaaa  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 (fumeE)
 <222> (1)..(1503)

<300>
 <308> FJ426269
 <309> 2009-06-11
 <313> (1)..(1503)

<400> 10
 ttggagtttc gccgagcaaa gcctgccaac cctcaaaata gcgcccggcc tgtgcgtgct 60

```

tcagcacgcc gtcccgttt gcgggcgacg ggctgtgccc tctgcctaga aggaagtaag 120
ttgcgctacg acgtcgcgat aattggaggt ggcaacgctg cattgacggc agccgtgacg 180
gcgcgtgaag cggggggcctc ggttcttgtg atcgagcatg cggcgcgcgc catgcgcggc 240
ggcaacagtc gtcacacacg caatatgcgt acgatgcacg aacgtcccct gtcgccgttg 300
accggtgaat attcggcggg cgaatattgg aatgatcttg tccgcgtcac gggggggcgc 360
accgacgaag aactcgcgcg gtcggttatc cgcaacacca ccgacgctat tcccttcatg 420
acgcgctgcg gtgtgcgttt ccagccctcg ctgtcgggca cgctgagttt atcgcgaacc 480
aacgcattct tccttggcgg cgggaaggcg cttgtaaag catattacgc cacggccgaa 540
cggctaggcg tcgatattct ctatgattct gaggtgaccg agatcaacct tcagcaaggc 600
gtcgtgcagc gtctgcaatt gcgcagccgg ggattccctg tcgaagtgga agccaaggct 660
gccatcgcct cgtccggagg attccaggca aatcttgact ggctctcaag cgcgtggggg 720
cctgctgcgg cgaacttcat cgtacggggc acgccatatg cgactggcac ggtgctcaag 780
aacctgttgg agcaaggcgt cgcctcggtg ggagatccaa cccaatgcca tgctgtcgcg 840
atcgatgggc gagcgcccaa atacgacggc ggcacgtca cacgactgga ctgcgttccc 900
ttctcgcagc tcgtcaacaa ggacgccttg cgcttctacg atgaaggcga agatgtgtgg 960
ccgaagcgtt acgccatatg gggtcgcttg gtggcacagc agcctgatca gatcgctttc 1020
agcataatcg atcggcaggc cgaagacctc ttcatgccgt cagtgttccc ccccgtgcaa 1080
gcggacacga tcgcgggtct ggccgagaaa ctcggtctga atcccgtaac cctggaacgc 1140
acggtggccg aattcaacgc cgcgtgcgtg cccggcgaat tcggcggcca agatctcgac 1200
gacctccaca ccgaggggaat cgaaccaaag aaatccaact gggcccgacc gattattgtg 1260
cccccgttca gcgcctatcc tctccggccc gggatcacct tcacctatct cggcgtcaag 1320
gtagacagcc gtgcgcgggt catcatggag acaggtagc cgacaaaaaa cctgtttgct 1380
tcgggggaaa taatggcggg cagcattctc ggccaagggt atctcgttg atttggaatg 1440
gcgattggta 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)

<222> (1)..(1173)

<300>

<308> FJ426269

<309> 2009-06-11

<313> (1)..(1173)

<400> 12

```

atgcaggatt ttgatctcgt aaaaatgctg tctgacttgc cgtcggcgcc ggagctggaa      60
gccaggcgcg ttatggaggt gtgcaacgcg tgccgctatt gcgaaggggt ctgcgcggta      120
tttctgcaa tgaccttgca gcgtcatttc gccagcgcg atctcagcca cctcgccaat      180
ctctgccact cgtgccaagg ttgctattac gcctgccaat acgcccctcc gcatgagttc      240
ggaataaacg ttccaaaggc gctgtcggag ttgcggtcgc agagctacga gcagcatgct      300
tggccccggc cggtcgcccgc tctctatcgc aagaatgcgc tcatcatttc catcttgtcg      360
gcggcatgca taaccggcgt ccttctgctt gccgccatct tcaacgggga tgcacttttc      420
gcgaaacacg catcggtgcc cggcgcgggg ttttacaacg ttattcctta tcaggcgatg      480
attgccgtcg cggcgaccac atttctttat tccgcgctgg cgctggcgat cagtctcggt      540
cgcttttcgc ggacgatcgg tctgggaatt aaggttcttt atcagcacgt gccggttctt      600
cgggcgctac gcgatgcggc gactctgcga 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
ggaatggtcg tgggcgcgat cggcctactc tggctcaagc tggccggcga agacgctcct      900
cgatcaccgg cactgcttgg gccggatggt gccctgttgg tgcttctgct tgccatagcg      960
gcaacgggcc tcctcctttt agcgggtccgc agcaccgaag tcatgggcgt cgcgctcgcc     1020
gtccatctcg gcgtcgtctt ggcttctttt ttggtgatgc catacagcaa atttgtccac     1080
ggtatcttca ggctcacggc tctcgtgcgc catcatgctg accgcgagggc aagtaatggc     1140
ttcgctcca gccctccac gaaaaaggg 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

seite 23

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 tcgcatcg c agtagcg tca tgcagatcgt gagagtggcg 60
 agtggcaact gtctcgagca atatgatttc ttcgtttacg gcttctatgc ggcatatatt 120
 gcgagaagct tttttccgac cggcgataac gcgacatcg c tcatgctttc attggccact 180
 tttggcgctg gtttcctcat gaggcccttg ggggcgattt ttctcgggtc ctacatcgat 240
 cgcgtcgggc gtcggaaagg cctgatcgtg aactcgcga tcatggccgt cggaaacctc 300
 accattgcga tgactccaag ctatgaggca attggattac tcgcaccggt tatcgtgctc 360
 gtcgggcgac ttttgcaagg tttttccgct ggagcagagt cgggtggcg ctcagtgtac 420
 ttggcggaaa ttgcgtcgcc caaatcgaga ggcttcttca cctcgtggca gtctgccagc 480
 cagcaggtgg ccgtcatgat cggcgccg c atcgggtctt c gctgcaatc aacgctttca 540
 ccggagcaaa tgaacgactg gggatggcgg gtgcccttgt tgatcggatg cttgattatc 600
 cccgtgatac tctggctgcg ccggtctctc ccggaaacga aagcctatct ccacatggag 660

```

cacaaggcgc attcgatcgg cgaatccctc cgcgaattgc aacagagctg ggggctgac 720
ttgacgggca tggcgatgtc gatcctcacg acgaccacct ttacatgat taccgcctat 780
acgccgacat ttggcgagaa agcactcggg ctgagcccgc aagatgtcct gctggttacc 840
atcatgggtcg gcgtgtcgaa cttcctgtgg cttccgatcg ggggtgctct ctcggatcgt 900
atcggtagaa ccccgatcct actggtcgtg ccggtcaccg ttctcgccat cgcctttccc 960
ctgatgagct ggctcgtcgc ggcaccgaca ttcggagcgc ttgcagctgt tctgctgact 1020
ttctccgcat gctttggact ctataatggg gcgctcatcg cgagactcac cgagattatg 1080
cctcccgcca ttagaaccct tggcttctcg ctggcggttca gtctcgcgac ctcgctgttc 1140
ggcggcttca ccccatgggt aagtacggcg ctaatccacg cgacgggcag caattccgcg 1200
cctgcaatct ggctctgttt tgcggctttc atcagcttcg tcggtgtggc cgcacgcacc 1260
cggtcgagcc ggccaatcgc cgaaggcgcc agatag 1296
  
```

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

<220>
 <221> Seq ID 15 (Fung)
 <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

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 ctgtcctgg gggcctatgc tgatccgata 60
 cccgccgccg ggcaggtgct cgtcaagacc agagcatgcg gcatctgcgg atctgacctt 120
 catttttgcg atcatgcga ggcgtttacg aaccttgcat cgcgggcggg tatcgctct 180
 atggaagttg atttgtgtcg agacatcgtt ctggggcatg aattctgtgg cgagattatg 240
 gagttcgggc cctctgcgga tcgtcgcttc aaaccggac agcttggtg ctcgctgccg 300
 ctggcgatcg gtccgaccgg agcgcggacg attggctact cggatgagta tcccggcggg 360
 ctcggcgaat atatggctct caccgaagcg ctcttgctgc ctgttccgaa cggccttccg 420
 gcgacctgcg cggcgttgac ggagccgatg gcgggtggat ggcagccgt cgagatcgcg 480
 caggttcaac cacatcacat ccctgtggtg atcgggtgcg gaccggtcgg gttggcagtc 540
 gtcgctgccc tgaaacataa gcaagttgct ccgattattg cgtcggatcc atcgcccgat 600
 cggcggtgctc ttgctctgcg gatgggcgcc gacgccgttg tcgatccgcg cgaagaatca 660
 ccttttcgcc aggccgagaa gatcgcacgc ccggtcggac aagggtggggc cctgtccagc 720
 tcattgctgt caaagtctca aatgatattc gaatgcgtag ggggtgccgg catgcttcgg 780
 catgcgatgg acggcgcgtc cgacgggtcc gagatcatgg tcgttggcgc atgcatgcag 840
 ccggacgcga tcgagcccat gatcgggatg tttaaagcgc tcacgatcaa attctcgcga 900
 acttacacgg gtgaggaatt cgcccggtg cttcacatga taggtgaggg cgcactcgac 960
 gtatctccgc tcgttaccga tgtgattggc ctgtccgatg tcccgtccgc gtttgagggt 1020
 ctacggagtc caggcgccca 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 gacacgggtg ctgccgccag aattcccca gttcttcagg	120
cgcgcgctgg gggcacgaat ttgggacgcc gacgagcagc cctatatcga ctatatgtgc	180
gcgatgggc caaatttgct cggttaccgg caatccgaaa tcgaagccgc ggctgatgcg	240
cagcgacttc tcggcgacac catgaccggt ccttcggaga tcatggtcaa cctcgccgaa	300
gcctttgtgg gcatggtccg tcatgcggat tgggcgatgt tctgcaaaaa tggcagcgat	360
gccacctcaa cggcgatggt tctcgcgcgt gcccatacgg ggcgcaaac catattatgc	420

gccaaaggcg cctatcatgg cgcttccccg tggaaacactc cgcatactgc cgggattctc 480
 gcttccgatc gcgtgcatgt cgcataattat acctataacg acgcccacaaag cttatcggac 540
 gcgttcaagg cgcacgatgg cgatatttgcg gctgtctttg ccacaccttt ccgacacgaa 600
 gtatttgagg accaggccct cgcccagctt gagttcgcgc gcaccgctcg aaaatgttgt 660
 gacgagaccg gtgcgtttct ggtcgttgac gatgtgcgcg caggtttccg ggtggcgcgc 720
 gattgcagct ggacgcattt gggatatgaa cccgatctca gttgctgggg aaaatgcttt 780
 gcgaatggct atccgatctc cgccctgctg ggctcgaaca aggcgcgcga tgcggcgcgg 840
 gatataattt tgaccggctc cttctgggtt tctgcggtac cgatggcggc cgcgatcgaa 900
 accctcagga tcattcgaga gacgccttat ctcgaaacgc tgatcgccag cggcgccgcc 960
 ctgcggggcag gcctggaggc acagtctcag cgccatggtc ttgagttgaa gcagacgggc 1020
 ccggcgcaga tgccgcaaatt attctttgcg gacgatcccc attttcggat cggctatgcg 1080
 tgggccgcgg cgtgcctgaa gggcggcgtc tatgttcac cctatcacia tatgtttctc 1140
 tctgcggccc atacagttga cgatgtaacg gagaccctcg aggcgacgga tcgcgcgttc 1200
 agcgcgggtcc tcagagattt tgcgtctctc cagcctcatc ccattttaat gcaactcgcc 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
atgtatcggg agttcagaat cgaaaagccc ggcaaggcaa atagtttgct cggcgcagta 60
gcgctcggga ccctcgcatt tcctgtctct gccagtgtc aggatagcga tcccgcacgc 120
ataggtcagc cggacgaagc ggacacggac cggggaacga gcgaaatcgt cgtgaccggc 180
agccgcctcc agaacggctt caattcgccg acgccgggta cagccgtatc cagcgagcag 240
ttgaaggagg catctccgac caaccttgcc gacgcactca accagctgcc cgtgttcaac 300
gacagcttga agacctcaa ccctggcacg acaccggaa cggggaacag cggtcagaac 360
ctgctcaaca tgcgcggcct cgggtcaaac cggaaacctg tcctgctgaa cggcaaccgt 420
ttcgtcgcga ccaatttcac aggtcgggtc gatatcaacg tgctgccgca ggcgttggtc 480
aagcgcgtcg atgtcgtgac gggcggcgcc tcggcgccct acggttccga tgccgtttcg 540
ggcgtcatca acttcgtgct cgacgaagat ctggaaggca tcagggccga gctccagtcg 600
ggtgtttcaa cccgcggcga cctcccgtcc tacggcggtt cgatcgccct cggcacttcg 660
tttgccgacg accggttgca cttgctcggc agcttcgaat attttcgaca ggacggaatc 720
cgggccgatg aagcaacggg tcgccgtggt ttcgacatcg ccgccggcca atatcccggt 780
cccggcgcta cgacaggcgt cacggctgtg cccgatattc gcagttctcg cggatcctac 840
ggcggacttg tcacgtccgg cctctgaaa ggcacgcgt ttttgcccgg aggagtccta 900
gggaccttcg actacgggaa ttttacgagc tcgtcgttcc agagcggcgg cgatggaccg 960

cgcggtgaata tcggcttcgc cccggatcag cttcgtaca acgcgttcct acgcgccga 1020
 tatgatgtgt ccgacactgt gcaggtgtat gcggagggca cctatgctta ttcccacacc 1080
 aacctgggtg cattcgtaat atcgcatgtc ggtggctcga ataatttccg gatcttccgt 1140
 gataacgcct tccttccggc tccactcgcg acgctcatgg acagaaatgc ccaggcttcg 1200
 atcggtgtcg gtcgcttctc aagcgacttt cccttggtcg aaatcgagaa ttctgcaaag 1260
 gtctaccgcg gcgctgccgg cttccgggca gacattggca atggctggaa actcgatggc 1320
 tcggcctcct ttggccttac ggacctcgag cttcgtgaaa acaatctcac catcaaccgc 1380
 aatctctacg ccgccgtcga tgcggtccgc gatcccgcg gcaatatcgt ctgccgttca 1440
 aactggccg gcctcgacca agattgcgtg ccgctcaatc tcttcggcac aggctcgccg 1500
 agcgcgctcg ccacgacta tgcaccgct gatggcgctg ctgagctgag gcttgagcaa 1560
 tatgtggcgg gactcacgat ttccggcgac ctccggcgata gcctgtcgtt cggcgcgggc 1620
 ccggtctcgg tcgccgttg tatcgaatat cgcaaggaga agggccggca ggaaaccgac 1680
 gcgatatcgc aggcgacgac ctcgatcacg ggaatcaggg gggctccggc ggcgcaggca 1740
 ggtcggcctg gaggttcaa tctctacaac ccacttccct tctcgggaag ctatgacatc 1800
 aaggaaggtt ttgtcgaaat cggcgctccc attctgaagg acagcgcgct gggacgttcg 1860
 ctgaacttaa acggcgccgt ccgatatgcc gattacagcc agtccggtgg agtaacaacc 1920
 tggaagctgg gcggagaata tgagccgatc gacggcctca ggttccgcgc gacccgttcg 1980
 cgagatatcc gcgggccaag ccttgctcag ctattcgacc ccggccgtca ggcgacgctc 2040
 aattcaattt atggcggaca ggctgtgcag acgcggttct ttaccgccgg caacgcggat 2100
 ttgcgccctg aaaaggcgga cgtccttaca ttccggcgcg tgctacgcc cgccttcgtg 2160
 ccgggggttc agttttcggt cgatcgctat gtggtgaagg tgaagggcg gatcgatttc 2220
 ctcttcccc agcaggaaat cgacgcgtgc gatgcaggaa acaccttctt ctgcgacctc 2280
 ataacggaga atccggacgg caccatcaca gtgacgggtc ccaatctcaa cctggctgtc 2340
 cagaaagcgg cgggaattga cttcgaggcc tattactcac gcccgcgcg cggcggcacg 2400
 ttcagtcttc gtgcgtggc aacgcacat acctctgcct atcgcatcgc gaccggctcg 2460
 gcgcccattc gttcgctcg acaaccggac acgccaaaat ggtcggccaa cttccaggcg 2520
 cgatattcga ccgacgattg ggcgcttctc gtgcagcagc gcttcatcgc agcatcggtg 2580
 ttcaatgccg acaatgtgga gggcgctgat acgaatttga accacgctcc ggcggtttgg 2640
 tacaccgacg cgacattgac cttcgacatc gcggcttttg gccagaagca gcagctgttt 2700
 ctatcggtca ataatttgtt cgaccgagat ccgccaatag cgacgaacga ccccgagcgt 2760
 ttttcagcc cgaccagctc tgcctatgat ccggtcggcc gctattttaa tgcgggggtc 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 (funkt)
 <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 tcccgtgctg gcacgaggcc gccgcagcct atatggccga gggcatttac 180

aagaccaccg gacaggtcgc cgcgattgtc acgaatccgg gtcccggtag ggcaaaccct 240
 ctgcctggag tcgtgacggc acgccacgaa ggggttcctt tcgtcgcaat aacgtcccag 300
 catcaacttg gtgtcgttta tccctgcacg ccaaaaacct ttcagggaca agaccagatc 360
 gacctctttc gacccgcggg 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 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 gcgccaagc ggtgatcccg 60
 ggcgggatgt acggtcacga gtcgacctat ctgatgcccg agggcacgcc acagttcttc 120
 agtcgcggca aaggcgcccg actttgggac gccgacggca acgagtatgt cgattacatg 180
 tgcgcctatg gccccaacct gctgggttac ggcttcgaac ccgtcgaagc ggccgccgca 240
 gcccagcaag cccggggcga taccctgacc gggccgtcgg aggtgatggt gcagttggcg 300
 gaagacttcg tcgcgcaaat cagccacgcg gactgggcca tgttctgcaa gaacggcaca 360
 gacgccacct caatggcgat ggtcatcgcg cgcgcacaca ccggccggaa gacgatcctc 420
 tgcgcgaaag gcgcctatca tggggccgcg ccttggtgca cgccgatcct ggccggaacg 480
 ctaccggagg atcgcgcctt tgtagtctac tacgactaca atgacgccc aagcctcgtc 540
 gacgccttcg agggccatca ggacgacgtc gcggcgatct tcgccacccc tcaccgtcac 600
 gaggtgttca gcgaccagat cgatcctgat ccggaatatg cggccagcgt gcgggcgctc 660
 tgcgacaaga gcggcgccct gctcgtcgtc gacgaagttc gagccgggtt caggatcgcg 720
 cgcgactgca gctggggcaa gatcggcgtc gctccggatc tgagcacctg gggcaagtgc 780
 ttccgcaacg gctatccgat ctccggcgtc ctagggggcg aaaagggtgcg cagcgcgga 840
 aaggccgtct acgtcaccgg ctcttcttgg ttctcggcca cgcccatggc cgcagccgtc 900
 gaaacctga agcaaatccg cgagaccgac tatctcgagc ggatcaacgc ggccgggacc 960
 cgctgcgcg agggcctgca gcagcaggct gtcacaacg gctttacgtt gcgccaacg 1020
 gggcccgctt ccatgcccc agtcctcttc gaggaagatc ccgattttcg ggtcggctac 1080
 ggctgggttc gcgaatgcct gaagcgaggg gtgtacttca gcccctacca taacatgttc 1140
 ctgtcggcgg cccatagcga ggcggacctg gccaagacct ttgcggctac cggcgacgcc 1200
 ttcgctgagc tacgcgcaa gcttccgagc ctagaaatcc accaaccctt cctcgccctg 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 Zusatzstoffes für den enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin in einem pflanzlichen Rohstoff, **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 Wirtsorganismen exprimiert wird, wenigstens ein Enzym entsprechend 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, oder wenigstens ein kompletter, diese Sequenzen enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus hergestellt wird und gegebenenfalls mit einem Cosubstrat vermischt wird.
2. Verfahren nach Anspruch 1, **dadurch gekennzeichnet**, dass das jeweilige Enzym mittels molekulargenetischer Methoden, Mutagenese oder molekularer Evolution verändert wird, und dass es wenigstens 90 % Sequenzidentität mit wenigstens einem der Enzyme der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 25 oder 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, Tri-carballylat-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 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 wenigstens eine Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder mit der Sequenz ID-Nr. 25 mit einem Keton, insbesondere einer α -Ketosäure als Cosubstrat, vermischt wird.
7. Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 5, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9 zusätzlich mit wenigstens einem Adsorbens, insbesondere gewählt aus Tonmineralien, vermischt wird.
8. Zusatzstoff zum enzymatischen Abbau von Mykotoxinen, insbesondere Fumonisin, **dadurch gekennzeichnet**, dass wenigstens ein Enzym der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21 und 25 sowie eine Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, oder wenigstens ein kompletter, diese Sequenzen enthaltender, rekombinanter Wirtsorganismus zur Expression dieser Enzymgensequenzen sowie gegebenenfalls zusätzlich wenigstens ein Cosubstrat für wenigstens eines der eingesetzten Enzyme und ein inerter Träger enthalten sind.
9. Zusatzstoff nach Anspruch 8, **dadurch gekennzeichnet**, dass ein Enzym enthalten ist, welches wenigstens 90 % Sequenzidentität mit einem Enzym der Sequenz ID-Nr. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 19, 21 oder 25 sowie der Acetolat-Synthase, welche die Sequenz ID-Nr. 23 umfasst, aufweist.
10. Zusatzstoff nach Anspruch 8 oder 9, **dadurch gekennzeichnet**, dass die Enzyme durch molekulargenetische Methoden, Mutagenese, molekulare Evolution veränderten Enzyme und/oder zu wenigstens 90 % identen Enzyme mit einer Schutzhülle ummantelt enthalten sind.

11. Zusatzstoff nach einem der Ansprüche 8, 9 oder 10, **dadurch gekennzeichnet**, dass als Enzyme eine 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 mit der ID-Nr. 23 umfasst, enthalten sind.
12. Zusatzstoff nach einem der Ansprüche 8 bis 11, **dadurch gekennzeichnet**, dass eine Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, wenigstens eine Aminotransferase mit der Sequenz ID-Nr. 19 oder mit der Sequenz ID-Nr. 25, eine α -Ketosäure als Cosubstrat und ein inerter Träger enthalten sind.
13. Zusatzstoff nach einem der Ansprüche 8 bis 12, **dadurch gekennzeichnet**, dass eine Carboxylesterase mit der Sequenz ID-Nr. 9, wenigstens ein Adsorbens, insbesondere wenigstens ein Tonmineral, sowie gegebenenfalls ein inerter Träger enthalten sind.
14. Verwendung eines Zusatzstoffes gemäß einem der Ansprüche 9 bis 14 zum sauerstoffunabhängigen bzw. anaeroben Abbau von Mycotoxinen, insbesondere Fumonisin.
15. Verwendung nach Anspruch 14, **dadurch gekennzeichnet**, dass der Zusatzstoff in einem zu vergärenden, pflanzlichen Rohstoff bzw. in einer Maische zur Bioethanolherstellung eingesetzt wird.

Hierzu 3 Blatt Zeichnungen

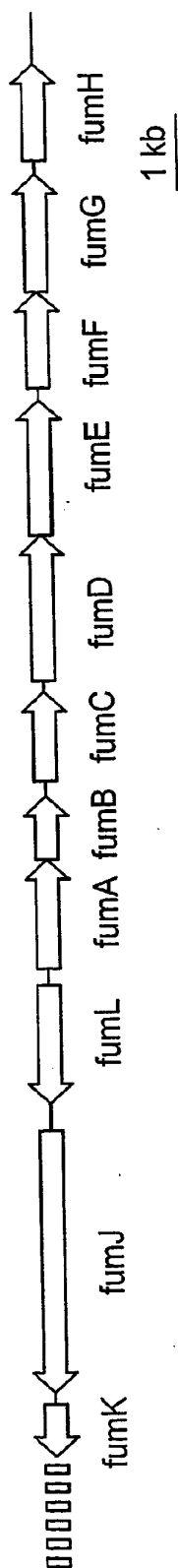


Fig. 1

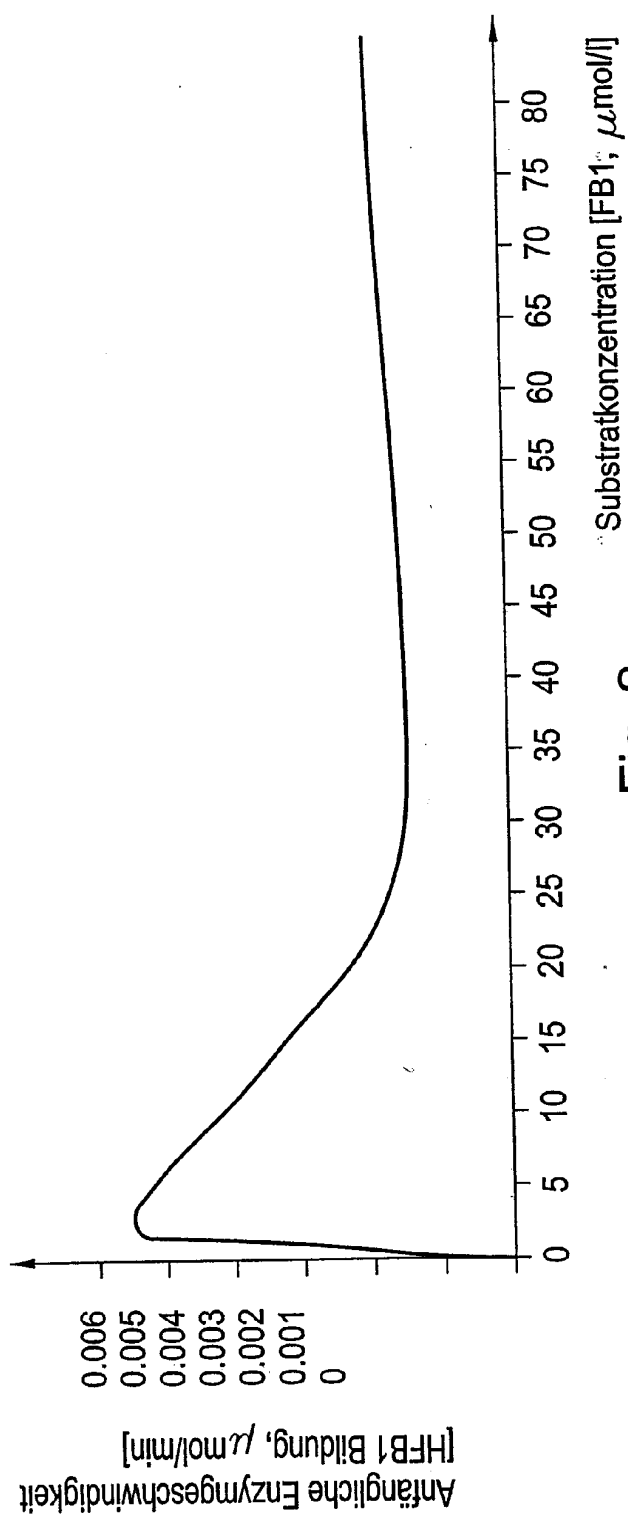


Fig. 2

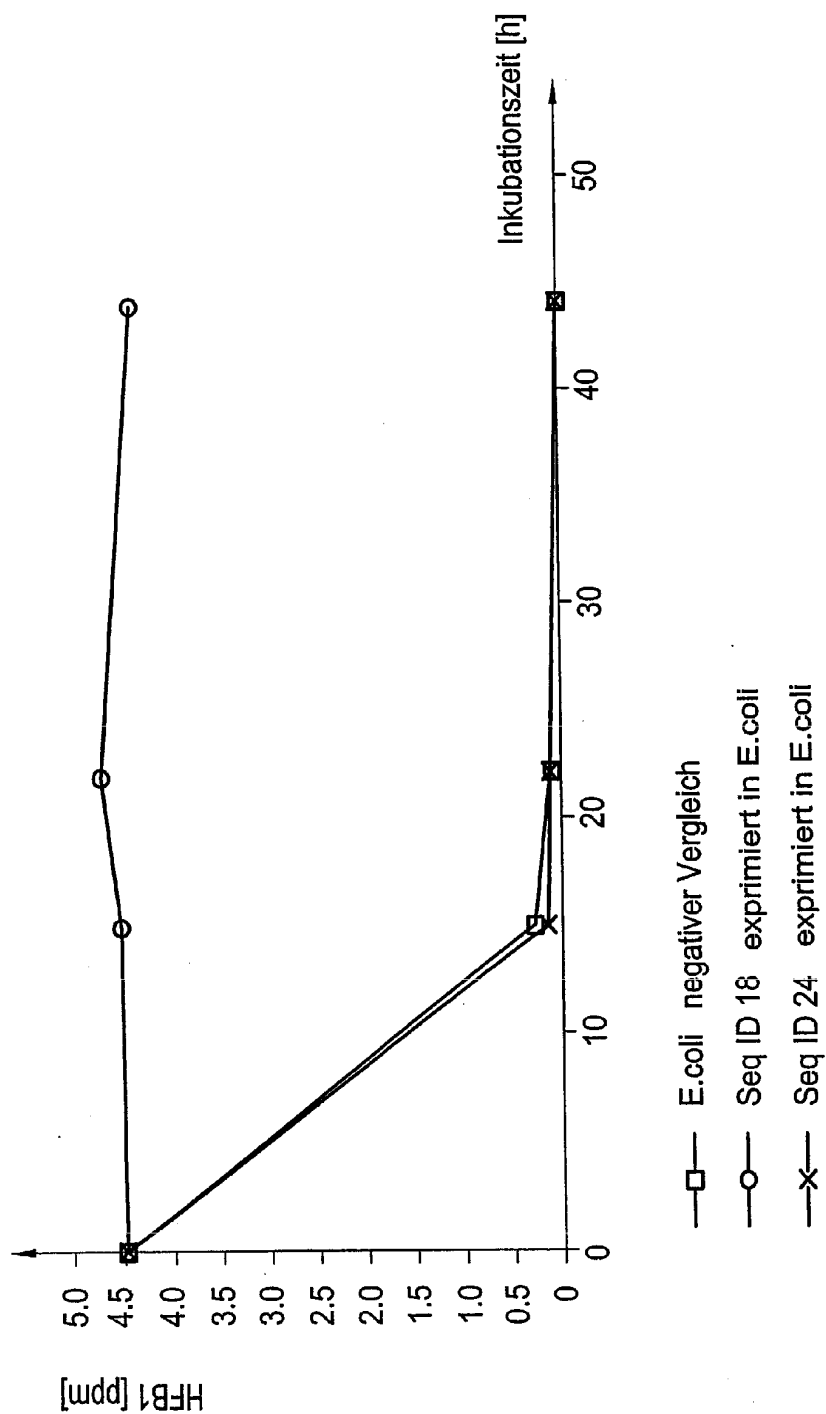


Fig. 3

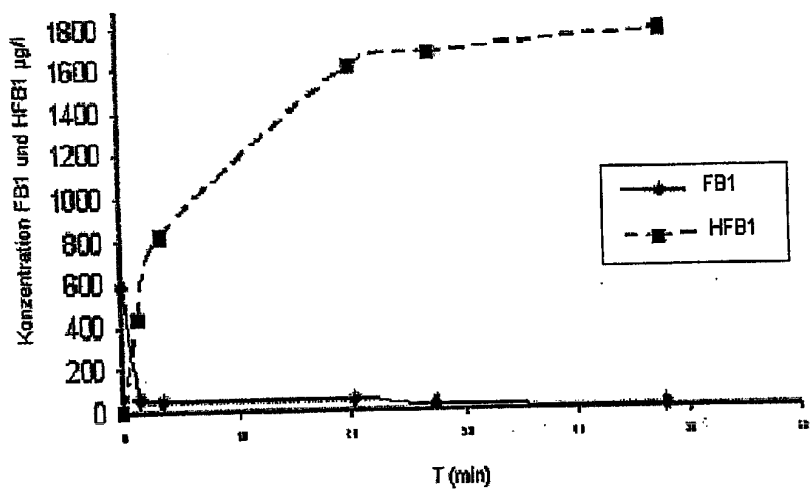


Fig. 4

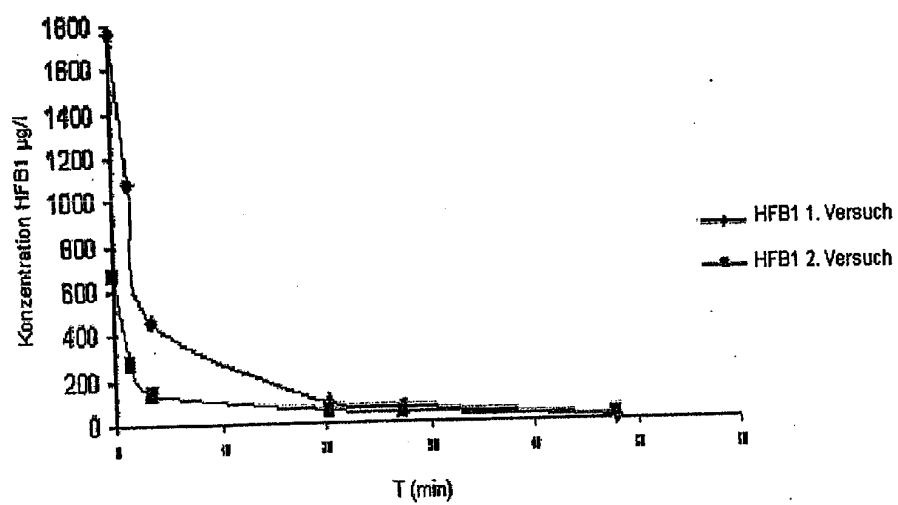


Fig. 5