

(19)대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(51) 。 Int. Cl.

C12N 9/04 (2006.01)

C12N 9/14 (2006.01)

C12N 15/55 (2006.01)

(11) 공개번호 10-2006-0064620

(43) 공개일자 2006년06월13일

(21) 출원번호 10-2006-7002919

(22) 출원일자 2006년02월10일

번역문 제출일자 2006년02월10일

(86) 국제출원번호 PCT/US2004/026194

(87) 국제공개번호 WO 2005/045016

국제출원일자 2004년08월11일

국제공개일자 2005년05월19일

(30) 우선권주장

60/494,300

2003년08월11일

미국(US)

60/545,657

2004년02월18일

미국(US)

(71) 출원인

코텍시스, 인코포레이티드

미국 캘리포니아주(우편번호:94063), 레드우드 시티, 페놉스코트 드라이브 200

(72) 발명자

크레버 앵크

미국 캘리포니아주 94303 팔로 알토 루이스 로드 3500

뉴먼 리사 마리

미국 캘리포니아주 94061 레드우드 시티 킹 스트리트 1002

데이비스 에스 크리스토퍼

미국 캘리포니아주 94110 샌 프란시스코 윈필드 스트리트 104

젠느 스테판 제이

미국 캘리포니아주 94010 벨링엄 엘 카미노 리얼 #202 821

(74) 대리인

김성기

김진희

심사청구 : 없음

(54) 개선된 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드 및 관련폴리뉴클레오티드

요약

본 발명은 골격 야생형 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드에 비하여 강화된 GDH 활성 및/또는 열 안정성을 보유하는 글루코스 데히드로게나제(GDH) 폴리펩티드에 관한 것이다. 또한 본 발명은 본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드, 이 폴리뉴클레오티드를 포함하는 핵산 서열, 프로모터에 기능적으로 연결된 상기 폴리뉴클레오티드를 포함하는 발현 벡터, 상기 GDH 폴리펩티드를 발현하도록 형질전환된 숙주 세포 및 본 발명의 GDH 폴리펩티드의 제조 방법에 관한 것이다.

대표도

도 1

명세서

기술분야

본 발명은 효소학 분야, 특히 글루코스 데히드로게나제 효소학 분야에 관한 것이다. 보다 구체적으로, 본 발명은 개선된 효소 활성(즉, 높은 기질 전환율) 및 안정성을 갖는 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드와, 개선된 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열에 관한 것이다. 상기 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드는 옥시다제 또는 리덕타제 효소에 커플링되어 고수율로 합성 유기 화학물질 또는 전구체를 생성할 수 있기 때문에 본 발명은 유용하다.

배경기술

글루코스 데히드로게나제[EC1.1.1.47], 즉 "GDH"는 β -글루코스 및 니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드(NAD)에서 글루코노락톤 및 환원 니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드(NADH)로의 전환을 촉진한다. NAD는 이 반응에서 보조 인자로서 작용하며, NADP의 형태로 인산화될 수 있다. GDH는 임상 시험 및 식품 산업에서의 사용에 있어서 중요한 효소이다. GDH는 또한 화학적 전환을 위한 촉매로서 사용되기도 하는데, 이때 GDH는 알데히드 및 케톤과 같이, 효소적 카르보닐 환원에서의 NADH 및 NADPH의 재생에 관여한다.

바실러스(*Bacillus*) 종은 GDH의 우수한 공급원이었다. 바실러스 메가테리움(*B. Megaterium*) M1286으로부터 유래된 상기 효소는 균질하게 정제되었고, 완충액 조건에 따라 최적 pH가 8.0~9.0인 30,000 DA 서브유닛의 동형사량체이며, 니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드(NAD) 또는 니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드 포스페이트(NADP)를 보조 인자로서 사용하는 것으로 확인되었다(Pauly H.E. and Pfeleiderer G., Hoppe Seylers Z. Physiol. Chem. 1975, 356: 1613-23). 크립토크커스 유니구투라투스(*Cryptococcus uniguttulatus*)로부터 유래된 상기 효소는 최적 pH 6.0~8.0, 최적 온도 55°C 및 분자량 110 kDa(미국 특허 제4,877,733호)이다. 슈도모나스 종(*Pseudomonas sp.*) FH1227 유래의 상기 효소는 최적 pH 8.5~9.0, 최적 온도 55°C 및 분자량 101 kDa(미국 특허 제5,298,411호)이다.

상업적으로 이용되는 GDH는 주로 미생물로부터 유래된 것이다. 초기에, GDH는 바실러스 메가테리움 ATCC 39118(미국 특허 제4,542,098호), 바실러스 세레우스(*Bacillus cereus*) DSM 1644(미국 특허 제4397952호), 크립토크커스 유니구투라투스 Y 0033(미국 특허 제4,877,733호) 및 슈도모나스 종(*Pseudomonas sp.*) FH1227(미국 특허 제5,298,411호)과 같은 천연 숙주 유기체의 발효에 의해 생산되었다. 그 이후에, 에셰리키아 콜라이(*Escherichia coli*)와 같은 이종 숙주에서 GDH를 코딩하는 유전자가 확인되었고, 클로닝하고 발현시켰다.

바실러스 서브틸리스(*Bacillus subtilis*) 61297 GDH 유전자는 이. 콜라이에서 발현시켰으며 이것의 천연 숙주에서 생산된 효소와 동일한 물리화학적 특성을 나타내었다(Vasantha et al. Proc. Natl. Acad., Sci. USA 1983, 80: 785). 바실러스 서브틸리스 GDH 유전자의 유전자 서열은 Lampel, K.A., Uratani, B., Chaudhry, R., Ramaley, R.F., 및 Rudikoff S.의 문헌["Characterization of the developmentally regulated *Bacillus subtilis* glucose dehydrogenase gene, "J. Bacteriol. 166, 238-243 (1986)] 및 Yamane, K., Kumano, M. 및 Kurita, K.의 문헌["The 25 degrees-36 degrees region of the *Bacillus subtilis* chromosome: determination of the sequence of a 146 kb segment and identification of 113 genes," Microbiology 142 (Pt 11), 3047-3056 (1996)]에 의해 보고되었으며, 진뱅크(Genbank) 수탁 번호 M12276 및 D50453으로 기탁되어 있다.

유사하게, 바실러스 세레우스 ATCC 14579(Nature 2003, 423: 87-91; 진뱅크 수탁 번호 AE017013) 및 바실러스 메가테리움(Eur. J. Biochem. 1988, 174: 485-490, 진뱅크 수탁 번호 X12370; J. Ferment. Bioeng. 1990, 70: 363-369, 진뱅크 수탁 번호 D90044) 유래의 GDH에 대해서도 유전자 서열이 결정되었다. 바실러스 서브틸리스 및 바실러스 메가테리움 유래의 GDH 효소는 서로 약 85%의 상동성을 나타내었다(J. Theor. Biol. 1986, 120: 489-497).

GDH 효소는 제한된 안정성만을 나타낸다는 것이 널리 알려져 있다. Ramaley 및 Vasantha는 추출 및 정제 완충액 중의 글리세롤의 존재가 바실러스 서브틸리스 유래의 GDH에 대한 활성을 유지하는 데 절대 필수적이라고 보고하였다(J. Biol. Chem. 1983, 258: 12558-12565). 효소 불안정성은, pH 및 이온 강도와 같은 환경적 요인에 의해 제어되는 평형 과정인, 사량체에서 단량체로의 해리에 주로 기인할 수 있다(Maurer and Pfeleiderer, Z. Naturforsch. 1987, 42: 907-915). 이로 인하여 바실러스 메가테리움과 같은 다른 바실러스 종 유래의 GDH를 분리 및 연구하게 되었다. 예를 들어 미국 특허 제 5,114,853호 및 제5,126,256호 및 Baik 등의 문헌[Appl. Microbiol. Biotechnol. 2003, 61: 329-335]은 증가된 열 안정

성을 나타내고 재조합 이. 콜라이 숙주에서 생산될 수 있는 바실러스 메가테리움 및 이의 돌연변이체 유래의 GDH 코딩 유전자에 대해 기술한다. 그러나, 열 안정성의 증가뿐 아니라 효소 활성도 강화된 GDH 효소에 대한 산업적 요구가 여전히 존재한다. 상기에 인용된 문헌 및 특허와 본원에 인용된 기타 공보 및 특허들은 그 전문을 본원에서 참고로 인용한다.

발명의 개요

본 발명은 여러 양태를 포함한다. 한 양태에서, 본 발명은 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성보다 1.5배 이상, 일반적으로 1.5~약 25배, 보다 일반적으로는 1.5~약 11배의 활성을 가지며(활성은 실시예 4의 방법에 따라 측정됨), 하기 (a)~(e)로 이루어진 군에서 선택되는 폴리펩티드에 관한 것이다:

(a) 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 아미노산 서열과 91% 이상, 바람직하게는 95% 이상, 보다 바람직하게는 98% 이상의 상동성을 보유하는 아미노산 서열을 가지는 폴리펩티드;

(b) (i) 서열 번호 53, 서열 번호 73, 서열 번호 83, 서열 번호 159, 서열 번호 163 또는 서열 번호 167의 뉴클레오티드 서열; (ii) 100개 이상의 뉴클레오티드로 이루어진 (i)의 부분 서열, 또는 (iii) (i) 또는 (ii)의 상보 가닥 중 어느 하나와 중간 염 중도 조건 하에 하이브리드화하는 핵산 서열에 의해 코딩되는 폴리펩티드(J. Sambrook, E.F. Fritsch, and T. Maniatis, 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2판, Cold Spring Harbor, N.Y.);

(c) 1~6개 아미노산의 치환, 결실 및/또는 삽입을 포함하는 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 폴리펩티드의 변형체;

(d) 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 보유하는 (a), (b) 또는 (c)의 단편; 및

(e) 50°C 및 pH 7에서 20분의 항온처리 후에 초기 GDH 활성의 80% 이상의 활성을 유지하는 (a), (b) 또는 (c)의 폴리펩티드.

한 구체예에서, 본 발명은 분리 및 정제된 형태의, 본원에 기술된 바와 같은 변형 GDH 폴리펩티드에 관한 것이다. 또 다른 구체예에서, 본 발명은 동결 건조된 형태의, 본원에 기술된 바와 같은 변형 GDH 폴리펩티드에 관한 것이다. 또 다른 구체예에서, 본 발명은 본원에 기술된 바와 같은 변형 GDH 폴리펩티드 및 적절한 담체, 일반적으로 완충액, 보다 일반적으로는 pH 6.0~8.0의 완충액을 포함하는 조성물에 관한 것이다.

본 발명의 신규 GDH 폴리펩티드는 서열 번호 2의 바실러스 서브틸리스 유래의 골격 GDH 폴리펩티드에 비해 강화된 GDH 활성(> 1.5배)을 나타내며, 일반적으로 1~7개 아미노산 잔기, 보다 일반적으로는 1~6개 아미노산 잔기, 더욱 더 일반적으로는 1~5개 아미노산 잔기, 가장 일반적으로는 1~4개 아미노산 잔기가 서열 번호 2와 상이하다. 본 발명에 있어서는, 두 아미노산 서열 간의 상동성 수준을 Needleman Wunsch 글로벌 정렬 알고리즘을 이용하여, 즉, 갭 도입 대한 갭 페널티 = -22.183 및 갭 확장에 대한 갭 페널티 = -1.396를 가지는 Global Alignment Scoring Matrix: PAM 120 매트릭스에 대한 동적 프로그래밍 알고리즘을 이용하여 결정하였다. 퍼센트 동일성 = 제1 서열과 제2 서열 간의 동일한 잔기의 수를 정렬 내의 제1 서열의 길이(갭을 포함)로 나눈 값(p)은 부분적 일치율을 나타낸다(참고 문헌: Needleman, S.B. & Wunsch, C.D., "A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins," Journal of Molecular Biology, 48: 443-453 (1970)).

강화된 GDH 활성 및/또는 열 안정성을 나타내도록 치환된 바실러스 서브틸리스 GDH 폴리펩티드의 다양한 잔기 위치를 본원에 수록된 표 1에 요약하였다. 강화된 GDH 및/또는 50°C에서의 열 안정성을 나타내는 것으로 입증된 다수의 본 발명 GDH 폴리펩티드에 대한 아미노산 서열은 서열 번호 6, 서열 번호 8, 서열 번호 10, 서열 번호 12, 서열 번호 14, 서열 번호 16, 서열 번호 18, 서열 번호 20, 서열 번호 22, 서열 번호 24, 서열 번호 26, 서열 번호 28, 서열 번호 30, 서열 번호 32, 서열 번호 34, 서열 번호 36, 서열 번호 38, 서열 번호 40, 서열 번호 42, 서열 번호 44, 서열 번호 46, 서열 번호 48, 서열 번호 50, 서열 번호 52, 서열 번호 54, 서열 번호 56, 서열 번호 58, 서열 번호 60, 서열 번호 62, 서열 번호 64, 서열 번호 66, 서열 번호 68, 서열 번호 70, 서열 번호 72, 서열 번호 74, 서열 번호 76, 서열 번호 78, 서열 번호 84, 서열 번호 86, 서열 번호 88, 서열 번호 90, 서열 번호 92, 서열 번호 94, 서열 번호 96, 서열 번호 98, 서열 번호 100, 서열 번호 102, 서열 번호 104, 서열 번호 106, 서열 번호 108, 서열 번호 110, 서열 번호 112, 서열 번호 114, 서열 번호 116, 서열 번호 118, 서열 번호 120, 서열 번호 122, 서열 번호 124, 서열 번호 126, 서열 번호 128, 서열 번호 130, 서열 번호 132, 서열 번호 134, 서열 번호 136, 서열 번호 138, 서열 번호 140, 서열 번호 142, 서열 번호 144, 서열 번호 146, 서열 번호 148, 서열 번호 150, 서열 번호 152, 서열 번호 154, 서열 번호 156, 서열 번호 158, 서열 번호 160, 서열 번호 162, 서열 번호 164, 서열 번호 166 및 서열 번호 168로서 본원에 개시하였다. 상술한 본 발명 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드

서열은 각각 서열 번호 5, 서열 번호 7, 서열 번호 9, 서열 번호 11, 서열 번호 13, 서열 번호 15, 서열 번호 17, 서열 번호 19, 서열 번호 21, 서열 번호 23, 서열 번호 25, 서열 번호 27, 서열 번호 29, 서열 번호 31, 서열 번호 33, 서열 번호 35, 서열 번호 37, 서열 번호 39, 서열 번호 41, 서열 번호 43, 서열 번호 45, 서열 번호 47, 서열 번호 49, 서열 번호 51, 서열 번호 53, 서열 번호 55, 서열 번호 57, 서열 번호 59, 서열 번호 61, 서열 번호 63, 서열 번호 65, 서열 번호 67, 서열 번호 69, 서열 번호 71, 서열 번호 75, 서열 번호 77, 서열 번호 83, 서열 번호 85, 서열 번호 87, 서열 번호 89, 서열 번호 91, 서열 번호 93, 서열 번호 95, 서열 번호 97, 서열 번호 99, 서열 번호 99, 서열 번호 101, 서열 번호 103, 서열 번호 105, 서열 번호 107, 서열 번호 109, 서열 번호 11, 서열 번호 113, 서열 번호 115, 서열 번호 117, 서열 번호 119, 서열 번호 121, 서열 번호 123, 서열 번호 125, 서열 번호 127, 서열 번호 129, 서열 번호 131, 서열 번호 133, 서열 번호 135, 서열 번호 137, 서열 번호 139, 서열 번호 141, 서열 번호 143, 서열 번호 145, 서열 번호 147, 서열 번호 149, 서열 번호 151, 서열 번호 153, 서열 번호 155, 서열 번호 157, 서열 번호 159, 서열 번호 161, 서열 번호 163, 서열 번호 165 및 서열 번호 167로 나타내어진다. 서열 번호 51의 폴리뉴클레오티드에 의해 코딩되는, 본 발명의 또 다른 GDH 폴리펩티드(서열 번호 52)는 바실러스 메가테리움 유래의 GDH의 아미노산 서열(서열 번호 4)에 기초한 것이며, 이와는 6개 아미노산 잔기가 상이하다.

바람직한 구체예에서, 본 발명은 서열 번호 2의 야생형 글루코스 데히드로게나제에 비해 강화된 글루코스 데히드로게나제 활성 및/또는 강화된 열 안정성을 가지는 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164, 및 서열 번호 168의 신규한 글루코스 데히드로게나제에 관한 것이다.

또 다른 구체예에서, 본 발명은 글루코스 데히드로게나제 효소 활성을 가지고, 서열 번호 52와 84% 이상의 서열 동일성을 가지는 GDH 폴리펩티드, 서열 번호 72와 98% 이상의 서열 동일성을 가지는 GDH 폴리펩티드 및 서열 번호 58과 98% 이상의 서열 동일성을 가지는 폴리펩티드로 이루어진 군에서 선택되는 폴리펩티드에 관한 것이다.

본 발명의 제2 양태는, 상응하는 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열에 관한 것이다. 유전자 코드의 축퇴성을 가정하여, 본 발명은 또한 본 발명의 상기에 언급된 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 임의의 폴리뉴클레오티드 서열에 관한 것이다. 또 다른 바람직한 구체예에서, 본 발명은 각각 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 및 서열 번호 168의 신규한 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드를 코딩하는 서열 번호 53, 서열 번호 73, 서열 번호 83, 서열 번호 159, 서열 번호 163, 및 서열 번호 167의 특정한 폴리뉴클레오티드에 관한 것이다.

제3 양태에서, 본 발명은 프로모터에 기능적으로(operatively) 연결된 본 발명 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열을 포함하는 핵산 구성체, 벡터 또는 숙주 세포에 관한 것이다.

제4 양태에서, 본 발명은 (a) 본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열을 함유하는 핵산 구성체를 포함하는 숙주 세포를 폴리펩티드 생산에 적합한 조건 하에 배양하는 단계; 및 (b) 상기 폴리펩티드를 회수하는 단계를 포함하는, 본 발명의 GDH 폴리펩티드를 제조하는 방법에 관한 것이다.

도면의 간단한 설명

도 1은 NAD^+ (또는 NADP^+) 존재 하에 글루코스를 GDH에 글루콘산으로 산화시켜, 각각 상응하는 환원형 NADH(또는 NADPH)를 생산하고, 이는 다시 기질의 환원을 유도하여 환원된 기질을 생산하는 한편, 리덕타제에 의해 NAD(또는 NADP)로 다시 산화시키는, 산화-환원 사이클을 예시한다. 이 반응에서 형성된 글루콘산은 수산화나트륨에 의해 중화시켜 나트륨-글루코네이트로 만든다.

도 2A~2B는 함께 상기에 언급한 종래 기술 참고 문헌의 GDH 폴리펩티드에 대하여 본 발명 GDH 폴리펩티드의 % 아미노산 동일성을 비교한 표를 제시한다. 도 2의 컬럼 4에서, 바실러스 서브틸리스(S06-3)의 GDH 폴리펩티드는 EP 955375 (컬럼 8)에 개시된 것과 동일한 아미노산 서열을 갖는다. 도 2A~2B를 만들기 위해, 갭 도입에 대한 갭 페널티 = -22.183 및 갭 확장에 대한 갭 페널티 = -1.396을 가지는 Global Alignment Scoring Matrix: PAM 120 매트릭스에 대한 동적 프로그래밍 알고리즘을 이용하여 정렬을 수행하였다. 퍼센트 동일성 = 제1 서열과 제2 서열 간의 동일한 잔기의 수를 정렬 내의 제1 서열의 길이(갭을 포함)로 나눈 값(p)은 부분적 일치율을 나타낸다(참고 문헌: Needleman, S.B. & Wunsch, C.D., "A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins," Journal of Molecular Biology, 48: 443-453 (1970)).

도 3은 P15A 복제 기점(P15A ori), lacI 리프레서, CAP 결합 부위, lac 프로모터(lac), T7 리보솜 결합 부위(T7g10RBS) 및 클로람페니콜 내성 유전자(camR)를 포함하는 본 발명의 4036 bp 발현 벡터(pCK110900)이다.

전술한 요약과 본 발명의 특정 구체예에 관한 하기의 상세한 설명은 첨부하는 도면을 참조하면 더욱 잘 이해될 것이다. 본 발명의 예시를 위해 도면에서는 특정 구체예만 도시하였다. 그러나 본 발명이 첨부된 도면에 도시된 형태 및 구성에 국한되는 것은 아니다.

발명의 상세한 설명

본 발명은 여러 양태를 포함한다. 한 양태에서, 본 발명은 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성보다 1.5배 이상, 일반적으로 1.5~약 25배, 보다 일반적으로는 1.5~약 11배의 활성을 가지며(활성은 실시예 4의 방법에 따라 측정됨), 하기 (a)~(e)로 이루어진 군에서 선택되는 폴리펩티드에 관한 것이다:

(a) 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 아미노산 서열과 91% 이상, 바람직하게는 95% 이상, 보다 바람직하게는 98% 이상의 상동성을 보유하는 아미노산 서열을 가지는 폴리펩티드(이하 "상동성 폴리펩티드");

(b) (i) 서열 번호 53, 서열 번호 73 또는 서열 번호 83의 뉴클레오티드 서열; (ii) 100개 이상의 뉴클레오티드로 이루어진 (i)의 부분 서열, 또는 (iii) (i) 또는 (ii)의 상보 가닥 중 어느 하나와 중간 엄중도 조건 하에 하이브리드화하는 핵산 서열에 의해 코딩되는 폴리펩티드(J. Sambrook, E.F. Fritsch, and T. Maniatis, 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2판, Cold Spring Harbor, N.Y.);

(c) 1~6개 아미노산의 치환, 결실 및/또는 삽입을 포함하는 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 폴리펩티드의 변형체;

(d) 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 가지는 (a), (b) 또는 (c)의 단편; 및

(e) 50℃ 및 pH 7에서 20분의 항온처리 후에 초기 GDH 활성의 80% 이상의 활성을 보유하는 (a), (b) 또는 (c)의 폴리펩티드.

달리 나타내지 않는다면, 본 명세서 전반에 사용된 "퍼센트 동일성", "% 동일성", "~퍼센트 동일한" 및 "~% 동일한"이란 용어는 본원에서 상호 교환 가능하게 사용되며, Needleman Wunsch 글로벌 정렬 알고리즘을 이용하여, 즉, 갭 도입에 대한 갭 페널티 = -22.183 및 갭 확장에 대한 갭 페널티 = -1.396을 가지는 Global Alignment Scoring Matrix: PAM 120 매트릭스에 대한 동적 프로그래밍 알고리즘을 이용하여 결정된 퍼센트 아미노산 서열 동일성을 의미한다. 퍼센트 동일성 = 제1 서열과 제2 서열 간의 동일한 잔기의 수를 정렬 내의 제1 서열의 길이(갭을 포함)로 나눈 값(p)은 부분적 일치율 나타낸다(참고 문헌: Needleman, S.B. & Wunsch, C.D., "A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins," Journal of Molecular Biology, 48: 443-453 (1970)).

본원에 사용된 "글루코스 데히드로게나제" 및 "GDH"는 상호 교환 가능하게 사용되며, 글루코스 및 니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드(NAD)에서 글루코노락톤 및 환원형 니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드(NADH)로의 전환을 촉진할 수 있는 능력을 갖는 폴리펩티드를 의미한다. 대안으로, 인산화된 보조 인자 NADP 및 NADPH는 상기 반응에서 NAD 및 NADH를 대체할 수 있다. 원래, GDH는 동형사량체로 느슨하게 회합되는 4개의 서브유닛으로 구성된다. 야생형 바실러스 메가테리움 GDH 폴리펩티드(서열 번호 4)의 결정 구조에 기초하면(Yamamoto et al., J. Biochem. 2001, 129: 303-312), 상기 폴리펩티드의 188~217번 위치의 잔기는 NAD⁺ 및 글루코스 결합에 관여하는 단백질 루프 영역을 한정한다.

사용 시, 본 발명의 강화된 GDH 폴리펩티드는 바람직하게는 보조 인자 재생 시스템(도 1 참조)으로서 합성 반응에 커플링되어 환원형 보조 인자의 연속 공급원을 제공한다. 본원에서 사용되는 "보조 인자(cofactor)"란 용어는 소정의 반응을 촉진하는 효소와 함께 작동하는 비-단백질 화합물을 의미한다. 본 발명의 GDH 폴리펩티드와 함께 이용하기에 적합한 보조 인자로는 NADH(니코틴아미드-아데닌 디뉴클레오티드 포스페이트) 및 NAD(니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드)를 포함한다.

본원에서 "보조 인자 재생 시스템"이란 용어는 이용된 보조 인자를 반응전 상태로 재생시키는 반응에 참여하는 반응물의 집합을 의미한다. 예로는 산화형 보조 인자를 환원형 보조 인자로, 즉 NADP를 NADPH로 재생시키는 재생 시스템이 있

다. 그 후 환원형(재생된) 보조 인자는 기질 및 효소(예, 환원 효소)와 함께 반응에 참여하여, 환원형 기질 및 산화형(이용된) 보조 인자를 생성할 수 있으며, 이는 다시 보조 인자 재생 시스템에 의해 재생될 수 있다. 글루코스/글루코스 데히드로게나제 보조 인자 재생 시스템의 전술한 작용 기전을 도 1에 예시하였다.

도 1에는, 환원 효소에 의해 촉진되는 반응이 글루코스 데히드로게나제 보조 인자 재생 시스템에 연계되는 것으로 도시되어 있다. 본원에서 "연계된(coupled)"이란 용어는 기질 환원에서의 보조 인자의 환원형의 사용과, 동일한 보조 인자의 환원형을 생성하는, 보조 인자 재생 시스템의 성분(예, 글루코스)의 산화에서의, 전술한 반응에서 생성된 동일한 보조 인자의 산화형의 병행 사용을 의미한다. 커플링된 시스템에서의 전반응 속도에 있어서의 한 가지 가능한 제한 요인은 보조 인자 재생 시의 GDH 폴리펩티드의 속도(활성)이다.

본 발명의 GDH 폴리펩티드는 서열 번호 2의 바실러스 서브틸리스 유래의 골격 GDH 폴리펩티드의 GDH 활성보다 1.5~약 11배 더 큰 활성(실시에 4의 방법에 의해 측정됨)을 나타내고, 일반적으로 1~7개 아미노산 잔기, 더 일반적으로 1~6개 아미노산 잔기, 더욱 더 일반적으로 1~5개 아미노산 잔기, 가장 일반적으로 1~4개 아미노산 잔기가 서열 번호 2의 서열과 상이한, 강화된 GDH 활성을 나타낸다. 바람직하게는, 본 발명의 GDH 폴리펩티드는 서열 번호 2의 바실러스 서브틸리스 유래의 골격 GDH 폴리펩티드의 GDH 활성보다 2.5~약 11배 더 큰, 강화된 GDH 활성을 나타낸다. 보다 바람직하게는, 본 발명의 GDH 폴리펩티드는, 50℃에서 20분 동안 열 처리한 후에 서열 번호 2의 바실러스 서브틸리스 유래의 골격 GDH 폴리펩티드의 GDH 활성보다 1.5~약 15배 더 큰, 강화된 열 안정성을 나타낸다. 열 안정성은 GDH 폴리펩티드를 50℃에서 20분 동안 열 처리한 후 남아있는 잔류 GDH 활성을 측정(실시에 4의 방법에 의해 측정)함으로써 결정한다.

강화된 GDH 활성 및/또는 50℃에서 열 안정성을 나타내는 다수의 본 발명 GDH 폴리펩티드에 대한 아미노산 서열은 서열 번호 6, 서열 번호 8, 서열 번호 10, 서열 번호 12, 서열 번호 14, 서열 번호 16, 서열 번호 18, 서열 번호 20, 서열 번호 22, 서열 번호 24, 서열 번호 26, 서열 번호 28, 서열 번호 30, 서열 번호 32, 서열 번호 34, 서열 번호 36, 서열 번호 38, 서열 번호 40, 서열 번호 42, 서열 번호 44, 서열 번호 46, 서열 번호 48, 서열 번호 50, 서열 번호 52, 서열 번호 54, 서열 번호 56, 서열 번호 58, 서열 번호 60, 서열 번호 62, 서열 번호 64, 서열 번호 66, 서열 번호 68, 서열 번호 70, 서열 번호 72, 서열 번호 74, 서열 번호 76, 서열 번호 78, 서열 번호 84, 서열 번호 86, 서열 번호 88, 서열 번호 90, 서열 번호 92, 서열 번호 94, 서열 번호 96, 서열 번호 98, 서열 번호 100, 서열 번호 102, 서열 번호 104, 서열 번호 106, 서열 번호 108, 서열 번호 110, 서열 번호 112, 서열 번호 114, 서열 번호 116, 서열 번호 118, 서열 번호 120, 서열 번호 122, 서열 번호 124, 서열 번호 126, 서열 번호 128, 서열 번호 130, 서열 번호 132, 서열 번호 134, 서열 번호 136, 서열 번호 138, 서열 번호 140, 서열 번호 142, 서열 번호 144, 서열 번호 146, 서열 번호 148, 서열 번호 150, 서열 번호 152, 서열 번호 154, 서열 번호 156, 서열 번호 158, 서열 번호 160, 서열 번호 162, 서열 번호 164, 서열 번호 166 및 서열 번호 168로서 개시된다. 전술한 본 발명 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드 서열은 각각 서열 번호 5, 서열 번호 7, 서열 번호 9, 서열 번호 11, 서열 번호 13, 서열 번호 15, 서열 번호 17, 서열 번호 19, 서열 번호 21, 서열 번호 23, 서열 번호 25, 서열 번호 27, 서열 번호 29, 서열 번호 31, 서열 번호 33, 서열 번호 35, 서열 번호 37, 서열 번호 39, 서열 번호 41, 서열 번호 43, 서열 번호 45, 서열 번호 47, 서열 번호 49, 서열 번호 51, 서열 번호 53, 서열 번호 55, 서열 번호 57, 서열 번호 59, 서열 번호 61, 서열 번호 63, 서열 번호 65, 서열 번호 67, 서열 번호 69, 서열 번호 71, 서열 번호 75, 서열 번호 77, 서열 번호 83, 서열 번호 85, 서열 번호 87, 서열 번호 89, 서열 번호 91, 서열 번호 93, 서열 번호 95, 서열 번호 97, 서열 번호 99, 서열 번호 99, 서열 번호 101, 서열 번호 103, 서열 번호 105, 서열 번호 107, 서열 번호 109, 서열 번호 111, 서열 번호 113, 서열 번호 115, 서열 번호 117, 서열 번호 119, 서열 번호 121, 서열 번호 123, 서열 번호 125, 서열 번호 127, 서열 번호 129, 서열 번호 131, 서열 번호 133, 서열 번호 135, 서열 번호 137, 서열 번호 139, 서열 번호 141, 서열 번호 143, 서열 번호 145, 서열 번호 147, 서열 번호 149, 서열 번호 151, 서열 번호 153, 서열 번호 155, 서열 번호 157, 서열 번호 159, 서열 번호 161, 서열 번호 163, 서열 번호 165 및 서열 번호 167로 개시된다.

또 다른 양태에서, 본 발명은 커플링된 반응에서 강화된 활성을 나타내는 GDH 폴리펩티드에 관한 것이다.

또 다른 구체예에서, 본 발명은 (i) 서열 번호 53, 서열 번호 73, 서열 번호 83, 서열 번호 159, 서열 번호 163 또는 서열 번호 167의 뉴클레오티드 서열; (ii) 100개 이상의 뉴클레오티드로 이루어진 (i)의 부분 서열, 또는 (iii) (i) 또는 (ii)의 상보 가닥 중 어느 하나와 중간 엄중도 조건 하에 하이브리드화하는 핵산 서열에 의해 코딩되는 폴리펩티드에 관한 것이다(J. Sambrook, E.F. Fritsch, and T. Maniatis, 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2판, Cold Spring Harbor, N.Y.). 뉴클레오티드 길이가 100개 이상인 폴리뉴클레오티드의 경우, 표준 서던 블롯 절차 후에, 저엄중도 내지 초고엄중도 조건은 5x SSPE, 0.3% SDS, 200 µg/ml 전단 및 변성된 연어 정자 DNA, 및 저엄중도 조건의 경우 25% 포름아미드, 중간 엄중도 및 중간-고 엄중도 조건의 경우 35% 포름아미드, 또는 고엄중도 및 초고엄중도 조건의 경우 50% 포름아미드 중 42℃에서의 예비 하이브리드화 및 하이브리드화로서 정의된다.

뉴클레오타이드 길이가 100개 이상인 폴리뉴클레오타이드의 경우, 캐리어 물질은 최종적으로 50℃ 이상에서(저염중도), 55℃ 이상에서(중간 염중도), 60℃ 이상에서(중간 내지 고 염중도), 65℃ 이상에서(고염중도), 70℃ 이상에서(초고염중도)에서 2x SSC, 0.2% SDS를 사용하여 매회 15분 동안 3회 세척한다.

또 다른 구체예에서, 본 발명은 서열 번호 2의 서열로부터 1~6개 아미노산의 치환, 결실 및/또는 삽입을 가지고, 실시예 4의 방법에 의해 측정된 바와 같은 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 가지는, 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 폴리펩티드의 변형체에 관한 것이다. 바람직하게는, 아미노산 변화는 단백질의 폴딩 및/또는 활성에 유의적인 영향을 주지 않는 보존적 아미노산 치환인 작은 변화; 일반적으로 1~6개 아미노산의 작은 결실; 작은 아미노- 또는 카르복실-말단 확장; 작은 링커 펩티드; 또는 순전하 또는 다른 기능, 예컨대 폴리-히스티딘 트랙트, 항원성 에피토프 또는 결합 도메인을 변화시킴으로써 정제를 촉진하는 작은 확장이다.

보존적 치환의 예는 염기성 아미노산(아르기닌, 리신 및 히스티딘), 산성 아미노산(글루탐산 및 아스파르트산), 극성 아미노산(글루타민 및 아스파라긴), 소수성 아미노산(루신, 이소루신 및 발린), 방향족 아미노산(페닐알라닌, 트립토판 및 티로신) 및 소형 아미노산(글리신, 알라닌, 세린, 트레오닌, 프롤린, 시스테인 및 메티오닌)의 군 내에 속한다. 특이적 활성을 일반적으로 변화시키지 않는 아미노산 치환은 당분야에 공지되어 있으며, 예를 들어 문헌[H. Neurath and R.L. Hill, 1979, In, The Proteins, Academic Press, New York]에 기재되어 있다. 가장 흔히 나타나는 변화는 Ala/Ser, Val/Ile, Asp/Glu, Thr/Ser, Ala/Gly, Ala/Thr, Ser/Asn, Ala/Val, Ser/Gly, Tyr/Phe, Ala/Pro, Lys/Arg, Asp/Asn, Leu/Ile, Leu/Val, Ala/Glu 및 Asp/Gly와 이러한 관계의 역이다.

또 다른 구체예에서, 본 발명은 실시예 4의 방법에 의해 측정되는 바와 같은, 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 갖는, 상세한 설명의 첫 번째 단락에서 전술한 바와 같은, (a), (b) 또는 (c)의 단편에 관한 것이다. "단편"이란 용어는 카르복시 말단, 아미노 말단 또는 이들 둘 다로부터 1~10개 아미노산 잔기가 결실된 폴리펩티드를 의미한다. 결실은 카르복시 말단으로부터 1~10개 아미노산이 결실된 것이 바람직하다. 결실은 카르복시 말단으로부터 1~5개 아미노산이 결실된 것이 보다 바람직하다.

또 다른 구체예에서, 본 발명은 50℃ 및 pH 7에서 20분 동안 항온처리한 후 초기(항온처리 전) GDH 활성의 80% 이상의 활성을 유지하는, 상세한 설명의 첫 번째 단락에서 전술한 바와 같은, (a), (b) 또는 (c)의 GDH 폴리펩티드에 관한 것이다. 바람직하게는, 본 발명의 폴리펩티드는 50℃ 및 pH 7에서 20분 동안 항온처리한 후 초기 잔류 활성의 85% 이상을 보유했으며, 보다 바람직하게는 90% 이상의 잔류 활성을 보유한다. 초기 GDH 활성은 본원의 실시예 4에 기술된 바와 같은 GDH 활성 분석에 의해 용이하게 측정할 수 있다.

본 발명의 또 다른 GDH 폴리펩티드(서열 번호 52)는 바실러스 메가테리움 유래의 GDH 폴리펩티드(서열 번호 4)의 아미노산 서열에 기초하되 이 서열과 6개 아미노산 잔기가 상이하다. 이 GDH 폴리펩티드는 서열 번호 51의 폴리뉴클레오타이드에 의해 코딩된다.

또 다른 구체예에서, 본 발명은 글루코스 데히드로게나제 효소 활성을 가지고, 서열 번호 52와 84% 이상의 서열 동일성을 가지는 GDH 폴리펩티드, 서열 번호 72와 98% 이상의 서열 동일성을 가지는 GDH 폴리펩티드 및 서열 번호 58과 98% 이상의 서열 동일성을 가지는 폴리펩티드로 이루어진 군에서 선택되는 폴리펩티드에 관한 것이다. 이러한 퍼센트 동일성은 ClustalW 분석(영국 캠브리지 소재의 European Bioinformatics Institute로부터 입수한 버전 X 1.8)에 의해, 정렬 내의 동일한 일치의 수를 계산하고 동일한 일치의 수를 기준 서열의 길이로 나누고, 하기의 디폴트 ClustalW 파라미터를 이용하여 슬로우/에큐리트 페어와이즈(slow/accurate pairwise) 최적 정렬에 도달함으로써 얻었다: 갭 오픈 페널티: 10; 갭 확장 페널티: 0.10; 단백질 가중 매트릭스: Gonnet 시리즈; DNA 가중 매트릭스: IUB; 토글 슬로우/패스트 페어와이즈 정렬 = SLOW 또는 FULL 정렬.

폴리뉴클레오타이드

제2 양태에서, 본 발명은 본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드 서열에 관한 것이다. 유전자 코드의 측퇴성을 가정하여, 본 발명은 또한 본 발명의 상기 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 임의의 폴리뉴클레오타이드 서열에 관한 것이다. 바람직한 구체예에서, 본 발명은 각각 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 및 서열 번호 168의 신규한 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드를 코딩하는 서열 번호 53, 서열 번호 73, 서열 번호 83, 서열 번호 159, 서열 번호 163 및 서열 번호 167의 특정한 특이적 폴리뉴클레오타이드에 관한 것이다.

본 발명의 개선된 GDH 폴리펩티드를 제조하기 위해, 먼저 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 하나 이상의 야생형 폴리뉴클레오티드로부터 출발한다. "야생형" 폴리뉴클레오티드란 용어는 핵산 단편이 자연으로부터 분리된 형태로부터 어떠한 돌연변이도 포함하지 않는다는 것을 의미한다. "야생형" 단백질이란 용어는 단백질이 자연에서 발견되는 활성 수준을 나타내며 일반적으로 자연에서 발견되는 것과 동일한 아미노산 서열을 포함한다는 것을 의미한다. 따라서, "야생형" 또는 "모(parental) 서열"이란 용어는 본 발명의 조작 전의 출발 또는 기준 서열을 나타낸다.

개선시키고자 하는 출발 물질로서 적합한 야생형 GDH의 공급원은 본원에 개시된 GDH 활성에 대한 계놈 라이브러리를 스크리닝함으로써 쉽게 동정할 수 있다(예를 들어 실시예 4 참고). 특히 적합한 GDH의 공급원은 자연에서 발견되는 바실러스 종 박테리아이다. 바실러스 서브틸리스(예, EP 955375) 및 바실러스 메가테리움(예, 미국 특허 제5,114,853호)에 대한 공개된 글루코스 데히드로게나제 유전자 서열을 이용하여, 그 각각의 유전자 라이브러리로부터 유전자의 증폭을 위한 프라이머를 통상적 기술을 이용하여 생성하였으며, 이는 하기의 서열을 갖는다:

바실러스 서브틸리스 전방향 프라이머(서열 번호 80):

5'-GAATTCGCCCATATGTATCCGGATTTAAAAGG-3'

바실러스 서브틸리스 역방향 프라이머(서열 번호 81):

5'-TGGCCGGATCCTCATTAACCGCGGCCTGCCTGGA-3'

바실러스 메가테리움 전방향 프라이머(서열 번호 82):

5'-GAATTCGCCCATATGTATAAAGATTTAGAAGG-3'

바실러스 메가테리움 역방향 프라이머(서열 번호 83):

5'-GGCCGGATCCTCATTATCCGCGTCCTGCTTGGA-3'

바실러스 서브틸리스 및 바실러스 메가테리움 유래의 유전자의 적절한 부분을 증폭시키기 위하여 통상적인 폴리머라제 연쇄 반응(PCR)에서 전방향 및 역방향 프라이머 쌍을 이용하여 몇 종의 PCR 생성물을 얻었다. 각 PCR 생성물은 발현 벡터로 클로닝하고 lac 프로모터 뒤에 기능적으로 연결시켰다. GDH 활성에 대하여 클론을 스크리닝하여(예를 들어, 실시예 4의 분석에 의해), 몇 개의 클론이 활성 GDH를 발현하는 것으로 확인하였고, 이들 유전자의 서열을 분석하였다. S06-3으로 명명되고, 공개된 바실러스 서브틸리스 GDH(서열 번호 2)와 동일한 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 제1 DNA 서열(서열 번호 1)을 바실러스 서브틸리스로부터 얻었다. M02-6으로 명명되고, 공개된 바실러스 메가테리움 GDH(서열 번호 4)와 98.5% 동일한 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 제2 DNA 서열(서열 번호 3)은 바실러스 메가테리움으로부터 얻었다. 이들 DNA 서열은 본 발명의 개선된 폴리펩티드 및 폴리뉴클레오티드를 개발하기 위한 출발 물질로서 이용하였다.

전술한 PCR 프라이머 이외에, 상이한 길이의 다른 PCR 프라이머 역시 사용할 수 있다(참고 문헌: Innis et al., 1990, PCR: A Guide to Methods and Application, Academic Press, New York). 다른 통상적인 핵산 증폭 방법, 예컨대 리가제 연쇄 반응(Ligase Chain Reaction; LCR), 결찰 활성화 전사(Ligated Activated Transcription; LAT) 및 핵산 서열 기초 증폭(Nucleic Acid Sequence-Based Amplification; NASBA) 역시 이용할 수 있다.

적절한 출발 물질이 확인되면, 당분야에 공지된 돌연변이 유발법 또는 유도 진화 방법 중 어느 하나를 이용하여 미지의 글루코스 데히드로게나제 활성을 가지는 비자연 발생 및 돌연변이 및/또는 진화된 효소를 쉽게 생성한다(참고 문헌: Ling et al., "Approaches to DNA mutagenesis: an overview," Anal. Biochem., 254(2): 157-78 (1997); Dale et al., "Oligonucleotide-directed random mutagenesis using the phosphorothioate method," Methods Mol. Biol., 57: 369-74 (1996); Smith, "In vitro mutagenesis," Ann. Rev. Genet., 19: 423-462 (1985); Botstein et al., "Strategies and applications of in vitro mutagenesis," Science, 229: 1193-1201 (1985); Carter, "Site-directed mutagenesis," Biochem. J., 237: 1-7 (1986); Kramer et al., "Point Mismatch Repair," Cell, 38: 879-887 (1984); Wells et al., "Cassette mutagenesis: an efficient method for generation of multiple mutations at defined sites," Gene, 34: 315-323 (1985); Minshull et al., "Protein evolution by molecular breeding," Current Opinion in Chemical Biology, 3: 284-290 (1999); Christians et al., "Directed evolution of thymidine kinase for AZT phosphorylation using DNA family shuffling," Nature Biotechnology, 17: 259-264 (1999); Crameri et al., "DNA shuffling of a family of genes

from diverse species accelerates directed evolution," *Nature* 391: 288-291; Cramer et al., "Molecular evolution of an arsenate detoxification pathway by DNA shuffling," *Nature Biotechnology*, 15: 436-438 (1997); Zhang et al., "Directed evolution of an effective fucosidase from a galactosidase by DNA shuffling and screening," *Proceedings of the National Academy of Sciences, U.S.A.*, 94: 45-4-4509; Cramer et al., "Improved green fluorescent protein by molecular evolution using DNA shuffling," *Nature Biotechnology* 14: 315-319 (1996); Stemmer, "Rapid evolution of a protein in vitro by DNA shuffling," *Nature*, 370: 389-391 (1994); Stemmer, "DNA shuffling by random fragmentation and reassembly: In vitro recombination for molecular evolution," *Proceedings of the National Academy of Sciences, U.S.A.*, 91: 10747-10751(1994); WO 95/22625; WO 97/0078; WO 97/35966; WO 98/27230; WO 00/42651; WO 01/75767 및 미국 특허 제6,537,746호(Arnold, 2003년 3월 25일 등록, 발명의 명칭: "Method for creating polynucleotide and polypeptide sequences").

상기 방법 중 임의의 방법이 GDH 폴리뉴클레오티드를 생성하는 데 적용될 수 있다. 다양성을 최대화하기 위해서는, 전술한 기법 중 몇 가지 기법을 순차적으로 이용할 수 있다. 일반적으로, 제1 돌연변이 유발 기법 또는 진화 기법을 이용하여 변형 폴리뉴클레오티드의 라이브러리를 생성하며, 그 발현 생성물을 스크리닝하여 최고 GDH 활성을 갖는 폴리뉴클레오티드를 찾는다. 그 후, 제2 돌연변이 유발 기법 또는 진화 기법을, 최고 활성 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드에 적용하여 제2 라이브러리를 생성하고, 이것으로 동일한 기법에 의해 GDH 활성을 스크리닝한다. 삽입 또는 점 돌연변이를 포함하는 돌연변이 및 스크리닝 과정은, 원하는 활성, 열 안정성 및 보조 인자 선호도를 갖는 폴리펩티드 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 얻기 위해, 필요에 따라 여러회 반복할 수 있다.

대안으로, 본 발명의 폴리뉴클레오티드 및 올리고뉴클레오티드는 공지된 합성 방법에 따라 표준 고체상 방법에 의해 제조할 수 있다. 그 후 일반적으로, 최대 약 100개 염기의 단편을 개별적으로 합성한 후 연결하여(예를 들어, 효소적 또는 화학적 결합법, 또는 폴리머라제 매개 방법에 의해), 실질적으로 임의의 원하는 연속 서열을 형성할 수 있다. 예를 들어, 본 발명의 폴리뉴클레오티드 및 올리고뉴클레오티드는, 예를 들어 문헌[Beaucage et al. (1981) *Tetrahedron Letters* 22: 1859-69]에 기재된 전통적 포스포아미다이트 방법, 또는 문헌[Matthes et al. (1984) *EMBO J.* 3: 801-05]에 기재된 방법을 이용하여, 자동화된 합성 방법에서 일반적으로 실시되는 바와 같이 화학적 합성에 의해 제조할 수 있다. 포스포아미다이트 방법에 따르면, 올리고뉴클레오티드는, 예를 들어 자동화 DNA 합성기에서 합성하고, 정제하고, 어닐링하고, 결합하고, 적절한 벡터에 클로닝한다.

또한, 실질적으로 어떠한 핵산도 다양한 시판업체, 예를 들어 The Midland Certified Reagent Company(텍사스 미드랜드 소재), The Great American Gene Company(캘리포니아주 라모나 소재), ExpressGen Inc.(일리노이주 시카고 소재), Operon Technologies Inc.(캘리포니아주 알라메다 소재) 등으로부터 주문 제작하여 구입할 수 있다. 마찬가지로, 펩티드 및 항체도 PeptidoGenic(pkim@ccnet.com), HTI Bio-products, Inc.(<http://www.htibio.com>), BMA Biomedicals Ltd.(U.K.), Bio. Synthesis, Inc. 등과 같은 다양한 공급업체로부터 주문 제작하여 구입할 수 있다.

폴리뉴클레오티드는 또한 기술 문헌에 기재된 바와 같이 당분야에 공지된 기법에 의해 합성할 수 있다(참고 문헌: Carruthers et al., *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Biol.* 47: 411-418 (1982), 및 Adams et al., *J. Am. Chem. Soc.* 105: 661(1983)). 그 후 상보 가닥을 합성하고 적절한 조건 하에 가닥을 서로 어닐링하거나, 또는 적절한 프라이머 서열과 함께 DNA 폴리머라제를 사용하여 상보 가닥을 부가하여, 이중 가닥 DNA 단편을 얻을 수 있다.

돌연변이 유발 기법을 포함하여 본원에 유용한 분자 생물학적 기법을 기술하는 널리 이용되는 텍스트로는 문헌[Berger and Kimmel, *Guide to Molecular Cloning Techniques, Methods in Enzymology*, volume 152 Academic Press, Inc., San Diego, CA ("Berger")]; 문헌[Sambrook et al., *Molecular Cloning - A Laboratory Manual* (2판), 1-3권, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York, 1989 ("Sambrook")]; 및 문헌[*Current Protocols in Molecular Biology*, F.M. Ausubel et al., eds., *Current Protocols*, a joint venture between Greene Publishing Associates, Inc. and John Wiley & Sons, Inc.(supplemented through 2000) ("Ausubel")] 등이 있다. 폴리머라제 연쇄 반응(PCR), 리가제 연쇄 반응(LCR), Q β -레플리카제 증폭 및 기타 RNA 폴리머라제 매개 기법(예, NASBA)을 비롯하여, 당업자가 시험관내 증폭 방법으로 이용하기에 충분한 기법의 예는 Berger, Sambrook, and Ausubel의 문헌, Mullis 등의 문헌(1987), 미국 특허 제4,683,202호; 문헌[PCR Protocols A Guided to Methods and Applications(Innis et al., 편저) Academic Press Inc. San Diego, CA (1990)]; 문헌[Arnheim & Levinson (1990. 10. 1) *Chemical and Engineering News* 36-47]; 문헌[*The Journal of NIH Research* (1991) 3: 81-94]; 문헌[Kwoh et al. (1989) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 86: 1173]; 문헌[Guatelli et al. (1990) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 87: 1874]; 문헌[Lomell et al. (1989) *J. Clin. Chem.* 35: 1826]; 문헌[Landegren et al., (1998) *Science* 241: 1077-1080]; 문헌[Van Brunt (1990) *Biotechnology* 8: 291-294]; 문헌[Wu and Wallace (1989) *Gene* 4: 560]; 문헌[Barringer et al. (1990) *Gene* 89: 117] 및 문헌[Sooknanan and Malek (1995) *Biotechnology* 13: 563-564]에 기재되어 있다. 시험관내 증폭 핵산을 클

로닝하는 개량된 방법은 Wallace 등의 미국 특허 제5,426,039호에 기재되어 있다. PCR에 의해 대형 핵산을 증폭시키는 개량 방법은 Cheng 등(1994)의 문헌[Nature 369: 684-685] 및 여기에 인용된 문헌에 요약되어 있으며, 이 방법에 의하면 최대 40 kb의 PCR 앰플리콘이 생성된다. 당업자라면 실질적으로 어떠한 RNA도, 역전사효소 및 폴리머라제를 사용하여, 역전사효소 및 폴리머라제를 이용하는 서열 분석, PCR 증폭 및 제한 분해에 적합한 이중 가닥 DNA로 전환시킬 수 있음을 알 것이다(참고 문헌: Sambrook and Berger의 상기 문헌).

당업자라면 유전자 코드의 축퇴성으로 인하여 본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 다수의 뉴클레오티드 서열을 생성할 수 있으며, 이 중 일부는 본원에 명시적으로 개시된 핵산 서열과 상당한 동일성을 보유한다는 사실을 이해할 것이다.

본 발명의 경우, PCR에 의해 얻어지는 바와 같은 바실러스 서브틸리스 *gdh* 유전자의 코딩 영역(서열 번호 1) 또는 바실러스 메가테리움 *gdh* 유전자의 코딩 영역(서열 번호 3)에 다양한 돌연변이 유발 기법을 몇 라운드 적용하여 1번 라이브러리를 생성하였다.

GDH를 코딩하는 변형 유전자의 발현을 위해, 변형 유전자를 먼저 유전자 발현을 조절하는 하나 이상의 이중성 조절 서열에 기능적으로 연결하여 발현 벡터 또는 발현 카세트와 같은 핵산 구성체를 생성하였다. 그 후, 생성된 핵산 구성체, 예컨대 발현 벡터 또는 발현 카세트를, 서플링된 유전자에 의해 코딩되는 GDH 폴리펩티드의 최종 발현을 위해 적절한 숙주 세포에 삽입하였다. 본원에서 "핵산 구성체"는 자연 발생 유전자로부터 분리되거나 변형에 의하지 않으면 자연에는 존재하지 않는 방식으로 조합 및 병치된 핵산의 분절을 포함하도록 변형된, 한 가닥 또는 두 가닥의 핵산 분자로서 정의된다. 따라서, 한 양태에서, 본 발명은 본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 핵산 구성체에 관한 것이다.

"핵산 구성체"란 용어는 핵산 구성체가 본 발명의 코딩 서열의 발현을 위해 요구되는 모든 조절 서열을 포함할 경우 "발현 카세트"란 용어와 동의어이다. 본원에서 "코딩 서열"이란 용어는 단백질 생성물의 아미노산 서열을 직접 한정하는 핵산 서열로서 정의된다. 게놈 코딩 서열의 경계는 일반적으로 리보솜 결합 부위(원핵 생물)에 의해 또는 mRNA의 5' 말단에서 오픈 리딩 프레임의 바로 상류에 위치하는 ATG 출발 코돈(진핵 생물) 및 mRNA의 3' 말단에서 오픈 리딩 프레임의 바로 하류에 위치하는 전사 종결 서열에 의해 결정된다. 코딩 서열은 DNA, cDNA 및 재조합 핵산 서열을 포함할 수 있으나 이에 국한되는 것은 아니다.

본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 분리된 폴리뉴클레오티드는 폴리펩티드의 발현을 위해 다양한 방식으로 조작할 수 있다. 벡터로 삽입하기 전 분리된 폴리뉴클레오티드의 조작은 발현 벡터에 따라 바람직하거나 필요할 수 있다. 재조합 DNA 방법을 이용하여 폴리뉴클레오티드 및 핵산 서열을 변형시키기 위한 기법은 당분야에 널리 공지되어 있다.

본원에서 "조절 서열"이란 용어는 본 발명의 폴리펩티드의 발현을 위해 필요하거나 유리한 모든 성분들을 포함하는 것으로 정의된다. 각 조절 서열은 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열 본래의 것이거나 외래의 것일 수 있다. 그러한 조절 서열은 리더(leader), 폴리아네틸화 서열, 프로펩티드 서열, 프로모터, 신호 펩티드 서열 및 전사 종결 서열을 포함하나 이에 국한되는 것은 아니다. 조절 서열은 최소한 프로모터와, 전사 및 번역 중지 신호를 포함한다. 조절 서열에는, 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열의 코딩 영역과 조절 서열의 결찰을 용이하게 하는 특정 제한 부위를 도입하고자 하는 목적으로 링커를 제공할 수 있다.

본원에서 "기능적으로 연결된(operably linked)"이란 용어는 조절 서열이 폴리펩티드의 발현을 유도하도록 DNA 서열의 코딩 서열에 대하여 상대적 위치에 적절히 배치되어 있는 구성으로서 정의된다.

조절 서열은 적절한 프로모터 서열일 수 있다. "프로모터 서열"은 뒤따르는 더 긴 코딩 영역의 발현을 위해 숙주 세포에 의해 인식되는 비교적 짧은 핵산 서열이다. 프로모터 서열은 폴리펩티드의 발현을 매개하는 전사 조절 서열을 포함한다. 프로모터는 돌연변이형, 절두형 및 하이브리드 프로모터를 포함하여 선택된 숙주 세포에서 전사 활성을 나타내는 임의의 핵산 서열일 수 있으며, 숙주 세포에 동종성 또는 이종성인 세포외 또는 세포내 폴리펩티드를 코딩하는 유전자로부터 얻을 수 있다.

박테리아 숙주 세포의 경우, 본 발명의 핵산 구성체의 전사를 유도하기 위한 적절한 프로모터는, 이. 콜라이 *lac* 오페론, 스트렙토마이세스 코엘리컬러(*Streptomyces coelicolor*) 아가로스 유전자(*dagA*), 바실러스 서브틸리스 레반수크라제 유전자(*sacB*), 바실러스 리첸니포미스(*Bacillus licheniformis*) 알파-아밀라제 유전자(*amyL*), 바실러스 스테아로써모필러스(*Bacillus stearothermophilus*) 말토제닉(*maltogenic*) 아밀라제 유전자(*amyM*), 바실러스 아밀로리퀘파시엔스(*Bacillus amyloliquefaciens*) 알파-아밀라제 유전자(*amyQ*), 바실러스 리첸니포미스 페니실린 유전자(*penP*), 바실러스 서브틸리스 *xylA* 및 *xylB* 유전자 및 원핵 베타-락타마제 유전자(Villa-Kamaroff et al., 1978, Proceedings of the National

Academy of Sciences USA 75: 3727-3731)로부터 유래된 프로모터뿐 아니라, tac 프로모터(DeBoer et al., 1983, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 80: 21-25)를 포함한다. 그 밖의 프로모터는 문헌["Useful proteins from recombinant bacteria" in Scientific American, 1980, 242: 74-94]; 및 Sambrook 등의 상기 문헌(1989)에 기재되어 있다.

필라멘트형 진균류 숙주 세포의 경우, 본 발명의 핵산 구성체의 전사를 유도하기 위한 적절한 프로모터는 아스퍼질러스 오리지(*Aspergillus oryzae*) TAKA 아밀라제, 리조뮤코 미헤이(*Rhizomucor miehei*) 아스파틱 프로테이나제, 아스퍼질러스 니거(*Aspergillus niger*) 중성 알파-아밀라제, 아스퍼질러스 니거 산 안정성 알파-아밀라제, 아스퍼질러스 니거 또는 아스퍼질러스 아와모리(*Aspergillus awamori*) 글루코아밀라제(glaA), 리조뮤코 미헤이 리파제, 아스퍼질러스 오리지 알칼라인 프로테아제, 아스퍼질러스 오리지 트리오스 포스페이트 이소머라제, 아스퍼질러스 니들란스(*Aspergillus nidulans*) 아세트아미다제, 및 푸사리움 옥시스포럼(*Fusarium oxysporum*) 트립신형 프로테아제(WO 96/00787) 뿐 아니라, NA2-tpi 프로모터(아스퍼질러스 니거 중성 알파-아밀라제 및 아스퍼질러스 오리지 트리오스 포스페이트 이소머라제에 대한 유전자로부터 유래된 프로모터의 하이브리드) 및 이들의 돌연변이형, 절두형 및 하이브리드 프로모터를 포함한다.

효모 숙주의 경우, 유용한 프로모터는 사카로마이세스 세레비지(*Saccharomyces cerevisiae*) 에놀라제(ENO-1), 사카로마이세스 세레비지 갈락토키나제(GAL1), 사카로마이세스 세레비지 알콜 데히드로게나제/글리세르알데히드-3-포스페이트 데히드로게나제(ADH2/GAP), 및 사카로마이세스 세레비지 3-포스포글리세레이트 키나제에 대한 유전자로부터 얻는다. 효모 숙주 세포에 대한 다른 유용한 프로모터는 문헌[Romanos et al., 1992, Yeast 8: 423-488]에 기재되어 있다.

조절 서열은 또한 적합한 전사 종결 서열, 즉 전사를 종결시키도록 숙주 세포에 의해 인식되는 서열일 수 있다. 종결 서열은 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열의 3' 말단에 기능적으로 연결된다. 선택되는 숙주 세포에서 기능적인 임의의 종결 서열이 본 발명에 이용될 수 있다.

필라멘트형 진균류 숙주 세포에 대한 바람직한 종결 서열은 아스퍼질러스 오리지 TAKA 아밀라제, 아스퍼질러스 니거 글루코아밀라제, 아스퍼질러스 니들란스 안트라닐레이트 신타제, 아스퍼질러스 니거 알파-글루코시다제 및 푸사리움 옥시스포럼 트립신형 프로테아제에 대한 유전자로부터 얻어진다.

효모 숙주 세포에 대한 바람직한 종결 서열은 사카로마이세스 세레비지 에놀라제, 사카로마이세스 세레비지 사이토크롬 C(CYC1) 및 사카로마이세스 세레비지 글리세르알데히드-3-포스페이트 데히드로게나제에 대한 유전자로부터 얻어진다. 효모 숙주 세포에 대한 다른 유용한 종결 서열은 문헌[Romanos et al., 1992, supra]에 기재되어 있다.

조절 서열은 또한 적합한 리더 서열, 즉, 숙주 세포에 의한 번역에 중요한 mRNA의 비번역 영역일 수 있다. 리더 서열은 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열의 5' 말단에 기능적으로 연결된다. 선택된 숙주 세포에서 기능적인 임의의 리더 서열을 본 발명에 사용할 수 있다. 필라멘트형 진균류 숙주 세포에 대한 바람직한 리더는 아스퍼질러스 오리지 TAKA 아밀라제 및 아스퍼질러스 니들란스 트리오스 포스페이트 이소머라제에 대한 유전자로부터 얻어진다. 효모 숙주 세포에 대한 적합한 리더는 사카로마이세스 세레비지 에놀라제(ENO-1), 사카로마이세스 세레비지 3-포스포글리세레이트 키나제, 사카로마이세스 세레비지 알파-인자 및 사카로마이세스 세레비지 알콜 데히드로게나제/글리세르알데히드-3-포스페이트 데히드로게나제(ADH2/GAP)에 대한 유전자로부터 얻어진다.

조절 서열은 또한 폴리아데닐화 서열, 즉, 핵산 서열의 3' 말단에 기능적으로 연결되고, 전사될 때, 숙주 세포에 의해 신호로서 인식되어 전사된 mRNA에 폴리아데노신 잔기를 부가하는 서열일 수 있다. 선택된 숙주 세포에서 기능적인 임의의 폴리아데닐화 서열이 본 발명에 사용될 수 있다. 필라멘트형 진균류 숙주 세포에 대한 바람직한 폴리아데닐화 서열은 아스퍼질러스 오리지 TAKA 아밀라제, 아스퍼질러스 니거 글루코아밀라제, 아스퍼질러스 니들란스 안트라닐레이트 신타제, 푸사리움 옥시스포럼 트립신형 프로테아제 및 아스퍼질러스 니거 알파-글루코시다제에 대한 유전자로부터 얻어진다. 효모 숙주 세포에 대한 유용한 폴리아데닐화 서열은 문헌[Guo and Sherman, 1995, Molecular Cellular Biology 15: 5983-5990]에 기재되어 있다.

조절 서열은 또한 폴리펩티드의 아미노 말단에 연결된 아미노산 서열을 코딩하고 코딩된 폴리펩티드를 세포내 분비 경로로 유도하는 신호 펩티드 코딩 영역일 수 있다. 핵산 서열의 코딩 서열의 5' 말단은, 분비형 폴리펩티드를 코딩하는 코딩 영역의 본질과 번역 리딩 프레임내에 자연적으로 연결된 신호 펩티드 코딩 영역을 본질적으로 포함할 수 있다. 대안으로, 코딩 서열의 5' 말단은 코딩 서열에 대해 이중인 신호 펩티드 코딩 영역을 포함할 수 있다. 이중 신호 펩티드 코딩 영역은, 이 코딩 서열이 신호 펩티드 코딩 영역을 본래 포함하지 않는 경우에 필요할 수 있다.

대안으로, 이중 신호 펩티드 코딩 영역은 폴리펩티드의 분비를 강화시키기 위해 천연 신호 펩티드 코딩 영역을 단순히 대체할 수 있다. 그러나, 발현된 폴리펩티드를 선택된 숙주 세포의 분비 경로로 유도하는 어떠한 신호 펩티드 코딩 영역도 본 발명에 이용될 수 있다.

박테리아 숙주 세포에 대해 효과적인 신호 펩티드 코딩 영역은 바실러스 NCIB 11837 말토제닉 아밀라제, 바실러스 스테아르모필러스 알파-아밀라제, 바실러스 리체니포미스 서브틸리신, 바실러스 리체니포미스 베타-락타마제, 바실러스 스테아르모필러스 중성 프로테아제(nprT, nprS, nprM) 및 바실러스 서브틸리스 prsA에 대한 유전자로부터 얻어진 신호 펩티드 코딩 영역이다. 그 밖의 신호 펩티드는 문헌[Simonen and Palva, 1993, Microbiological Reviews 57: 109-137]에 기재되어 있다.

필라멘트형 진균류 숙주 세포에 대해 효과적인 신호 펩티드 코딩 영역은 아스퍼질러스 오리지 TAKA 아밀라제, 아스퍼질러스 니거 중성 아밀라제, 아스퍼질러스 니거 글루코아밀라제, 리조뮤코 미헤이 아스파틱 프로테이나제, 휴미콜라 인솔렌스(*Humicola insolens*) 셀룰라제 및 휴미콜라 라누기노사(*Humicola lanuginosa*) 리파제에 대한 유전자로부터 얻어진 신호 펩티드 코딩 영역이다.

효모 숙주 세포에 대해 유용한 신호 펩티드는 사카로마이세스 세레비지 알파-인자 및 사카로마이세스 세레비지 인버타제에 대한 유전자로부터 얻어진다. 다른 유용한 신호 펩티드 코딩 영역은 문헌[Romanos et al., 1992, supra]에 기재되어 있다.

조절 서열은 또한 폴리펩티드의 아미노 말단에 위치한 아미노산을 코딩하는 프로펩티드 코딩 영역일 수 있다. 생성된 폴리펩티드는 프로엔자임 또는 프로폴리펩티드(또는 어떤 경우에는 자이모겐)으로서 알려져 있다. 프로폴리펩티드는 일반적으로 불활성이며, 프로폴리펩티드로부터 프로펩티드의 촉매 또는 자가 촉매적 절단에 의해 성숙 활성형 폴리펩티드로 전환될 수 있다. 폴리펩티드 코딩 영역은 바실러스 서브틸리스 알칼라인 프로테아제(aprE), 바실러스 서브틸리스 중성 프로테아제(nprT), 사카로마이세스 세레비지 알파-인자, 리조뮤코 미헤이 아스파틱 프로테이나제 및 마이셀리오프토라 써모필라(*Myceliophthora thermophila*) 락타제(WO 95/33836)에 대한 유전자로부터 얻을 수 있다.

신호 펩티드와 프로펩티드 영역 둘 다가 폴리펩티드의 아미노 말단에 존재할 경우, 프로펩티드 영역은 폴리펩티드의 아미노 말단 다음에 위치하며, 신호 펩티드 영역은 프로펩티드 영역의 아미노 말단 다음에 위치한다.

숙주 세포의 성장에 비하여 폴리펩티드의 발현을 조절할 수 있도록 하는 조절 서열을 추가하는 것도 바람직할 수 있다. 조절 시스템의 예로는 화학적 또는 물리적 자극에 반응하여 유전자의 발현을 개시 또는 차단할 수 있는 시스템이 있다. 원핵 숙주 세포의 경우, 적절한 조절 서열은 lac, tac 및 trp 오퍼레이터 시스템을 포함한다. 효모 숙주 세포의 경우, 적절한 조절 시스템은 ADH2 시스템 또는 GAL1 시스템을 포함한다. 필라멘트형 진균류의 경우, 적절한 조절 서열은 TAKA 알파-아밀라제 프로모터, 아스퍼질러스 니거 글루코아밀라제 프로모터 및 아스퍼질러스 오리지 글루코아밀라제 프로모터를 포함한다.

조절 서열의 다른 예로는 유전자 증폭을 가능하게 하는 것들이 있다. 진핵 시스템에서, 여기에는 메토크세이트 존재 하에 증폭되는 디히드로폴레이트 리덕타제 유전자 및 중금속에 의해 증폭되는 메탈로티오네인 유전자가 포함된다. 이러한 경우, 본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열은 조절 서열과 기능적으로 연결된다.

발현 벡터

또 다른 양태에서, 본 발명은 또한 (본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는) 본 발명의 폴리뉴클레오티드와, 도입되는 숙주의 유형에 따라 프로모터 및 종결 서열, 복제 기점 등과 같은 하나 이상의 발현 조절 영역을 포함하는 재조합 발현 벡터에 관한 것이다. 전술한 다양한 핵산 및 조절 서열을 서로 연결하여 재조합 발현 벡터를 생성할 수 있으며, 이는 제한 부위에서 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열의 삽입 또는 치환을 가능하게 하는 하나 이상의 편리한 제한 부위를 포함할 수 있다. 대안으로, 본 발명의 핵산 서열은 핵산 서열 또는 이 서열을 포함하는 핵산 구성체를, 발현을 위해 적절한 벡터로 삽입함으로써 발현시킬 수 있다. 발현 벡터를 생성함에 있어서, 코딩 서열은 이 코딩 서열이 발현을 위해 적절한 조절 서열과 기능적으로 연결되도록 벡터 내에 배치된다.

재조합 발현 벡터는 재조합 DNA 기법에 적용하기 편리하고 폴리뉴클레오티드 서열의 발현을 유도할 수 있는 임의의 벡터(예, 플라스미드 또는 바이러스)일 수 있다. 선택된 벡터는 일반적으로 벡터가 도입되는 숙주 세포와 벡터의 화합성에 좌우된다. 벡터는 선형 또는 폐환형의 플라스미드일 수 있다.

발현 벡터는 자가 복제형 벡터, 즉, 염색체외 실체로서 존재하고 그 복제가 염색체 복제와 무관한 벡터, 예를 들어 플라스미드, 염색체의 구성요소(element), 미니염색체 또는 인공 염색체일 수 있다. 벡터는 자가 복제를 확실히 하기 위한 임의의 수단을 포함할 수 있다. 대안으로, 벡터는 숙주 세포에 도입될 때 게놈으로 통합되고 통합된 염색체(들)와 함께 복제되는 것일 수 있다. 또한, 숙주 세포의 게놈으로 도입되는 전체 DNA를 함께 포함하는 단일 벡터 또는 플라스미드 또는 2 이상의 벡터 또는 플라스미드, 또는 트랜스포존이 이용될 수 있다.

본 발명의 발현 벡터는 바람직하게는 형질전환된 세포의 선별을 용이하게 하는 하나 이상의 선별 마커를 포함한다. 선별 마커는 그 산물이 살생물제 또는 바이러스 내성, 중금속 내성, 독립영양성 내지 영양요구성 등을 제공하는 유전자이다. 박테리아용 선별 마커의 예로는 바실러스 서브틸리스 또는 바실러스 리체니포미스로부터의 *dal* 유전자, 또는 암피실린, 가나마이신, 클로람페니콜(실시예 1) 또는 테트라사이클린 내성과 같은 항생제 내성을 부여하는 마커이다. 효모 숙주 세포에 대한 적절한 마커로는 ADE2, HIS3, LEU2, LYS2, MET3, TRP1 및 URA3이 있다.

필라멘트형 진균류 숙주 세포에 사용하기에 적합한 마커는 *amdS*(아세트아미다제), *argB*(오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제), *bar*(포스포노트리신 아세틸트랜스퍼라제), *hph*(하이그로마이신 포스포트랜스퍼라제), *niaD*(니트레이트 리덕타제), *pyrG*(오로티딘-5'-포스페이트 데카복실라제), *sC*(셀페이트 아데닐트랜스퍼라제) 및 *trpC*(안트라닐레이트 신타제) 뿐 아니라, 이들의 등가물을 포함하나 이에 국한되는 것은 아니다. 아스퍼질러스 세포에 사용하기에 바람직한 것은 아스퍼질러스 니들란스 또는 아스퍼질러스 오리지의 *amdS* 및 *pyrG* 유전자 및 스트렙토마이세스 하이그로스코피쿠스 (*Streptomyces hygroscopicus*)의 *bar* 유전자이다.

본 발명의 벡터는 바람직하게는 숙주 세포의 게놈으로의 벡터의 통합 또는 게놈과 독립적인 세포 내에서의 벡터의 자가 복제를 가능하게 하는 구성요소(들)를 포함한다. 숙주 세포 게놈으로의 통합을 위해서는, 벡터는 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열, 또는 상동성 또는 비상동성 재조합에 의해 게놈으로의 벡터의 통합을 위한 벡터의 임의의 다른 구성요소에 의존할 수 있다.

대안으로, 벡터는 숙주 세포의 게놈으로의 상동성 재조합에 의한 통합을 유도하기 위한 추가의 핵산 서열을 포함할 수 있다. 추가의 핵산 서열은 벡터가 염색체(들) 내의 정확한 위치(들)에서 숙주 세포 게놈으로 통합될 수 있게 한다. 정확한 위치에서의 통합 가능성을 증가시키기 위해서는, 통합성 구성요소가 충분한 수의 핵산, 예컨대 100~10,000 염기쌍, 바람직하게는 400~10,000 염기쌍, 가장 바람직하게는 800~10,000 염기쌍을 포함하는 것이 바람직하고, 이들을 해당 표적 서열과 상동성이 매우 커서 상동성 재조합의 가능성을 증가시킨다. 통합성 구성요소는 숙주 세포의 게놈 내의 표적 서열과 상동성인 임의의 서열일 수 있다. 또한, 통합성 구성요소는 비코딩 또는 코딩 핵산 서열일 수 있다. 한편, 벡터는 비상동성 재조합에 의해 숙주 세포의 게놈으로 통합될 수 있다.

자가 복제를 위해서는, 벡터는, 벡터가 해당 숙주 세포에서 자가 복제할 수 있게 하는 복제 기점을 추가로 포함할 수 있다. 박테리아성 복제 기점의 예로는 P15A 복제 기점을 가지는 플라스미드 pBR322, pUC19, pACYC177의 복제 기점 P15A, 이. 콜라이에서 복제를 가능케 하는 pACYC184의 복제 기점; 및 바실러스에서 복제를 가능케 하는 pUB110, pE194, pTA1060, 또는 pAM.베타.1의 복제 기점이 있다. 효모 숙주 세포에 사용하기 위한 복제 기점의 예로는 2 마이크로 복제 기점, ARS1, ARS4; ARS1과 CEN3의 조합, 및 ARS4와 CEN6의 조합이 있다. 복제 기점은 숙주 세포에서 온도 감수성을 가지고 작용하게 하는 돌연변이를 갖는 것일 수 있다(참고 문헌: Ehrlich, 1978, Proceedings of the National Academy of Sciences USA 75: 1433).

본 발명의 핵산 서열은 한 카피 이상을 숙주 세포에 삽입시켜 유전자 생성물의 생산량을 증가시킬 수 있다. 핵산 서열의 카피수는 하나 이상의 추가적인 서열 카피를 숙주 세포로 도입하거나, 또는 핵산 서열을 갖는 증폭 가능한 선별 마커 유전자를 포함시켜 증가시킬 수 있는데, 이 경우 증폭된 카피의 선별 마커 유전자를 포함하고 따라서 추가의 핵산 서열 카피를 포함하는 세포는, 적절한 선별 물질 존재 하에 세포를 배양함으로써 선별할 수 있다.

본 발명의 재조합 핵산 구성체와 발현 벡터를 구성하기 위해 전술한 구성요소를 결합시키는 데 이용되는 방법은 당분야에 널리 공지되어 있다(참고 문헌: J. Sambrook, E.F. Fritsch, and T. Maniatis, 1989, Molecular Cloning, A Laboratory Manual, 2판, Cold Spring Harbor, N.Y.).

본 발명에 사용하기 위한 발현 벡터 중 다수는 시판된다. 적절한 상업용 발현 벡터로는 미주리주 세인트 루이스 소재의 시그마-알드리치 케미칼스에서 시판하는 p3xFLAGTMTM 발현 벡터로서, 이것은 포유동물 숙주 세포에서의 발현을 위한 CMV 프로모터 및 hGH 폴리아데닐화 부위, 및 이. 콜라이에서의 증폭을 위한 pBR322 복제 기점 및 암피실린 내성 마커를

포함한다. 다른 적절한 발현 벡터로는 캘리포니아주 라졸라 소재의 스트라타진에서 시판되는 pBluescriptII SK(-) 및 pBK-CMV, 및 pBR322(김코 BRL), pUC(김코 BRL), pREP4, pCEP4(인비트로젠) 또는 pPoly(Lathe et al., 1987, Gene 57, 193-201)로부터 유래되는 플라스미드가 있다.

숙주 세포

본 발명의 발현 벡터를 발현시키는 데 사용되는 숙주 세포는 박테리아 세포, 예컨대 이. 콜라이, 스트렙토마이세스 및 살모넬라 티피뮤리움(*Salmonella typhimurium*) 세포; 진균류 세포, 예컨대 효모 세포(예, 사카로마이세스 세레비지 또는 피치아 파스토리스(*Pichia pastoris*)(ATCC 수탁 번호 201178)); 곤충 세포, 예컨대 초파리 S2 및 스포도프테라 Sf9 세포; 동물 세포, 예컨대 CHO, COS, 293, 및 보우스(Bowes) 흑색종 세포; 및 식물 세포를 들 수 있으나 이에 국한되는 것은 아니다. 상기 숙주 세포에 대한 적절한 배양 배지 및 조건은 당분야에 널리 공지되어 있다.

예를 들어, 에셰리키아 콜라이 W3110은 본 발명의 서플딩된 유전자를 발현시키기 위한 발현 벡터로 형질전환시켰다. 이 발현 벡터는 lacI 리프레서 유전자 제어 하에 lac 프로모터에 본 발명의 변형 유전자를 기능적으로 연결시켜 생성하였다. 이 발현 벡터는 또한 P15A 복제 기점 및 클로람페니콜 내성 유전자를 포함하였다. 형질전환된 에셰리키아 콜라이 W3110은, 발현 벡터를 발현한 형질전환 이. 콜라이 세포만이 생존하도록 클로람페니콜을 함유하는 적절한 배양 배지에서 배양하였다(실시예 1 참조).

정제

이. 콜라이에서 변형 유전자에 의해 GDH 폴리펩티드가 발현되면, 리소자임 처리, 초음파 처리, 여과, 염석, 한외여과, 친화성 크로마토그래피 등을 비롯하여 공지된 단백질 정제 기법 중 어느 하나를 이용하여 세포 또는 배양 배지로부터 폴리펩티드를 정제한다. 이. 콜라이와 같은 박테리아로부터 고효율로 단백질을 추출하기 위한 적절한 용매가 미주리주 세인트 루이스 소재의 시그마-알드리치에서 상표명 CellLytic BTM으로 시판된다. 화학적 처리에 적용하기 위해 세포 용해물로부터 GDH 폴리펩티드를 충분히 정제하기 위한 적절한 방법은 본원의 실시예 3에 개시되어 있다.

스크리닝

강화된 GDH 활성에 대해 발현 라이브러리로부터 GDH 폴리펩티드의 클론을 스크리닝하는 과정은 일반적으로 흡광도 또는 형광도의 증가를 통해 NADH 또는 NADPH의 형성률을 모니터링하는 표준 생화학적 기법을 이용하여 수행한다. 이러한 절차는 본원의 실시예 4에 기재되어 있다.

1차 돌연변이 유발 후 라이브러리를 스크리닝한 뒤, 서열 번호 2의 바실러스 서브틸리스 GDH 골격에 대하여 돌연변이 I165T를 갖는 개선된 GDH 폴리펩티드는 야생형 바실러스 서브틸리스 GDH(서열 번호 2)에 비하여 초기 GDH 활성보다 2.6배 높은 활성을 나타내었다. 그 후에, 추가적인 유도 진화를 수행하였고, 생성된 본 발명의 대표적인 GDH 폴리펩티드를 하기 표 1에 기재하였는데, 이 표에는 서열 번호 2의 야생형(w-t) 바실러스 서브틸리스 GDH 골격과 비교한 그 돌연변이 및 활성을 함께 기재하였다.

[표 1]

GDH 폴리펩티드 번호	돌연변이	바실러스 서브틸리스 유래의야생형 GDH에 대한 초기 GDH 활성의 배수	50℃, 20분에서의 증가된 열 안정성
서열 번호 84	I165M, V209A, I242V	***	무
서열 번호 52	V209A	*	무
서열 번호 54	I165M, P194T	**	유
서열 번호 56	I165T	**	유
서열 번호 64	I165M, V209A, I242V, Q252L	**	유
서열 번호 74	I165L	**	유
서열 번호 160	I165M, P194T, A197K, K204E, K206R	***	유
	I165M, E170K, P194T, A197K, K204E, K206R,		

	E220D, S237C		
서열 번호 168	A16T, I165M, P194T, A197K, K204E, K206R	***	유
* 1.5~2.4배 증가 ** 2.5~3.4배 증가 *** 3.5~5.5배 증가			

상기 표 1에 기재된 서열 번호 64 및 서열 번호 84의 GDH 폴리펩티드를 비교해 보면, Q252L 돌연변이가 GDH 폴리펩티드에 열 안정성을 부여한 반면, 초기 GDH 활성을 약간 감소시켰음을 알 수 있다.

서열 번호 2의 바실러스 서브틸리스 GDH 골격에 비해 단일 변화 I165L을 갖는 서열 번호 74의 GDH 폴리펩티드는 초기 GDH 활성을 5배 증가시키고, 야생형 바실러스 서브틸리스 GDH(서열 번호 2)에 비해 커플링된 화학 과정에서의 활성을 13배 증가시켰다.

본 발명의 보다 바람직한 GDH 폴리펩티드는 서열 번호 160, 서열 번호 164 및 서열 번호 168의 폴리펩티드와 95%의 상동성, 보다 바람직하게는 97%의 상동성, 더욱 더 바람직하게는 100%의 상동성을 갖는 폴리펩티드이다. 전술한 바와 같이, 이들 폴리펩티드 각각은 5~8개의 돌연변이를 포함하나, 다음과 같은 5개의 돌연변이를 공통으로 포함한다: I165M, P194T, A197K, K204E 및 K206R. 따라서, 달리 나타내면, 본 발명의 한 구체예는 잔기 치환 중 5개가 I165M, P194T, A197K, K204E 및 K206R인 5~8개의 잔기 치환을 갖는 서열 번호 2의 GDH 폴리펩티드에 관한 것이다.

야생형 바실러스 서브틸리스 GDH(서열 번호 2)에 대한 매우 적은($\leq 0.5\%$) 돌연변이만이 유익한 것으로 확인되었다. 구체적으로, 스크리닝된 1000개 클론마다 단 3~5개의 단일 점 또는 이중 점 돌연변이가 발생하는 것이 유익하였다. 실제로, 다수의 돌연변이는 유해한 것으로 확인되었다. 예를 들어, Y253C는 GDH 폴리펩티드를 불활성화하는 반면, Q252L은 야생형 바실러스 서브틸리스 GDH(서열 번호 2)의 초기 GDH 활성을 약간 감소시켰다. 흥미롭게도, 하나의 돌연변이의 유익한 효과는 다른 돌연변이의 유익한 효과에 누적되지 않는 것으로 확인되었다. 따라서 예를 들어 야생형 활성에 비해 GDH 활성을 2배 증가시킨 제1 돌연변이와 야생형 활성에 비해 GDH 활성을 3배 증가시킨 제2 잔기 위치에서의 제2 돌연변이의 조합은 종종 GDH 활성이 5배 또는 6배 증가된 GDH 폴리펩티드를 생성하지 못하였다.

본 발명의 GDH 폴리펩티드는 본원에 기술된 바와 같은 활성뿐 아니라, 다른 바람직한 특성들, 예를 들어 최적 온도 및/또는 pH의 변화, 용매 내성(예, 부틸 아세테이트) 등을 보유한다. 뿐만 아니라, GDH 폴리펩티드는, 예를 들어 NADP(NADP^+ 로도 칭함)와 같은 보조 인자로서 다른 화합물을 우선적으로 수용하는 능력을 갖는 변형된 GDH 폴리펩티드를 동정하기 위해 스크리닝할 수 있는 라이브러리를 생성하도록 돌연변이 또는 진화시킬 수 있다.

본 발명의 GDH 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드는 발현을 위해 선택된 숙주 유기체로부터의 최적 생산을 위해 코돈 최적화할 수 있다. 당업자라면 다양유기체에 대한 코돈 선호도 정보를 제공하는 표 및 기타 참고 문헌을 쉽게 입수할 수 있음을 알 것이다(참고 문헌: Henaut and Danchin, "Escherichia coli and Salmonella," Neidhardt et al. Eds., ASM Press, Washington D.C., p. 2047-2066 (1996)).

GDH를 발현하는 형질전환된 세포에 대한 스크리닝은, 일반적으로, 2 단계 과정으로 실시된다. 먼저, 세포를 물리적으로 분리하고 어느 세포가 원하는 특성을 보유하는지 보유하지 않는지를 결정한다. 선별은, 식별 및 물리적 분리가 선별 마커(이는 특정 유전적 환경에서 마커를 발현하는 세포는 생존시키고 다른 세포는 사멸시킴(또는 그 반대))의 발현에 의해 동시에 이루어지는 스크리닝의 형태이다. 대표적인 스크리닝 마커로는 루시페라제, β -갈락토시다제 및 녹색 형광 단백질을 포함한다. 선별 마커는 약물 및 독소 내성 유전자, 예컨대 클로람페니콜 내성 유전자, 암피실린 내성 유전자 등을 포함한다. 자연적 진화 과정에서 자연 선별(선택)이 일어날 수도 있으나, 본 발명의 방법에서 선별은 인위적으로 행해지는 것이다.

돌연변이 유발법 또는 유도 진화법에 의해 생성된 GDH 폴리뉴클레오티드는 실시예 4에 기술된 프로토콜에 따라 스크리닝하여, 본 발명의 개선된 GDH 폴리펩티드로서 포함시키기에 적합한 강화된 활성을 갖는 것을 동정한다.

하기 서열은 EP 955375에 개시된 바와 같은 서열 번호 2의 야생형 바실러스 서브틸리스 GDH 폴리펩티드에 대하여 본 발명 GDH 폴리펩티드의 상이점을 요약하였다. 이 표에서, "X"와 잔기 번호로 표시된 하나 이상의 아미노산 잔기는 본 발명 GDH 폴리펩티드로 치환된다:

MYPD LKGKVVX₁₁ITGAX₁₆SGLGKAMAIRFGKEQAK
 VVINYYSNKQDPX₄₆X₄₇VKEEVIX₅₄AGGEAVVVX₆₃GD
 VTX₆₈EEDVKNX₇₅VQTAIKEFGTLDIMINX₉₂AGX₉₅X₉₆
 NPVP SHEMPLKDWKVI₁₁₄TNLTGAFLGSREAIKY
 FVENDIKGNVINMSSVHEVIPWPLFVHYAASKGG
 X₁₆₅KLMTX₁₇₀TLALEYAX₁₇₈KGIRVNNIGPGAINTX₁₉₄I
 NX₁₉₇X₁₉₈KX₂₀₀X₂₀₁X₂₀₂X₂₀₃X₂₀₄X₂₀₅X₂₀₆ADX₂₀₉X₂₁₀X₂₁₁X₂₁₂IPM
 X₂₁₆YIX₂₁₉X₂₂₀PX₂₂₂EIAAVAAWLASX₂₃₄EAX₂₃₇YVTGX₂₄₂
 TLFADGGMTX₂₅₂X₂₅₃PSFQAGRG

본 발명 GDH 폴리펩티드에 대한 여러 잔기 위치에서의 변화의 다양성은 하기 표 2에 화살표 오른쪽에 표시하였고, 서열 번호 2의 야생형 GDH(EP 055375)의 상대적 아미노산 잔기는 화살표 왼쪽에 표시하였다.

[표 2]

X ₁₁ :	A→D,
X ₁₆ :	A→T
X ₄₆ :	N→D
X ₄₇ :	E→D, K,
X ₅₄ :	K→R
X ₆₃ :	Q→R
X ₆₈ :	K→N,
X ₇₅ :	I→, V
X ₉₂ :	N→S
X ₉₅ :	L→F
X ₉₆ :	E→A
X ₁₁₄ :	G→S
X ₁₆₅ :	I→M, L, V, T
X ₁₇₀ :	E→K
X ₁₇₈ :	P→Q
X ₁₉₄ :	P→T
X ₁₉₇ :	A→K
X ₁₉₈ :	E→A, D, G, K, L
X ₂₀₀ :	F→M, Y
X ₂₀₁ :	A→G, L, S, T
X ₂₀₂ :	D→N
X ₂₀₃ :	P→D, N, R, S
X ₂₀₄ :	K→D, E, L, N, T, Q
X ₂₀₅ :	Q→N
X ₂₀₆ :	K→R
X ₂₀₉ :	V→A
X ₂₁₀ :	E→A, K
X ₂₁₁ :	S→G, T
X ₂₁₂ :	M→K
X ₂₁₆ :	G→L
X ₂₁₉ :	G→A
X ₂₂₀ :	E→Q
X ₂₂₂ :	E→D
X ₂₃₄ :	K→E, S
X ₂₃₇ :	S→C
X ₂₄₂ :	I→V
X ₂₅₂ :	Q→L
X ₂₅₃ :	Y→C

실시예

실시예 1: 글루코스 데히드로게나제의 발현을 위한 발현 구성체의 구성

바실러스 서브틸리스 및 바실러스 메가테리움의 게놈 DNA 제조물로부터 폴리머라제 연쇄 반응(PCR)을 이용하여 글루코스 데히드로게나제의 유전자를 증폭시켰다. 증폭 반응에 사용된 프라이머는 공개된 바실러스 서브틸리스 및 바실러스 메가테리움 글루코스 데히드로게나제를 사용하여 디자인하였으며, 다음과 같았다:

바실러스 서브틸리스 전방향 프라이머(서열 번호 79):

5'-GAATTCGCCCATATGTATCCGGATTAAAAAGG-3'

바실러스 서브틸리스 역방향 프라이머(서열 번호 80):

5'-TGGCCGGATCCTCATTAACCGCGGCCTGCCTGGA-3'

바실러스 메가테리움 전방향 프라이머(서열 번호 81):

5'-GAATTCGCCCATATGTATAAAGATTTAGAAGG-3'

바실러스 메가테리움 역방향 프라이머(서열 번호 82):

5'-GGCCGGATCCTCATTATCCGCGTCCTGCTTGGA-3'

PCR 생성물은 도 3의 발현 벡터로 lacI 리프레서 유전자 제어 하에 lac 프로모터 뒤에 클로닝하여, 플라스미드 pGDHS06 또는 pGDHM02를 생성하였다. 이 발현 벡터는 P15A 복제 기점(P15A ori) 및 클로람페니콜 유전자(camR)를 포함하였다. 몇 개 클론이 활성 GDH를 발현하는 것으로 확인되었고, 이들 유전자를 서열 분석하여 그 서열을 확인하였다[참고: 서열 번호 1(글루코스 데히드로게나제 S06-3) 및 서열 번호 3(글루코스 데히드로게나제 M02-6)].

실시예 2: GDH의 생산

호기성 교반 발효기에, 0.528 g/L의 황산암모늄, 7.5 g/L의 인산수소이칼륨 삼수화물, 3.7 g/L의 인산이수소칼륨, 2g/L의 Tastone-154 효모 추출물, 0.05 g/L의 황산제1철, 및 2 g/L의 염화칼슘 이수화물, 2.2 g/L의 황산아연 설택하이드레이트, 0.5 g/L의 황산망간 일수화물, 1 g/L의 황산제1구리 7수화물, 0.1 g/L의 붕산나트륨 10수화물 및 0.5 g/L의 EDTA를 함유하는 3 ml/L의 미량 원소 용액을 포함하는 배양 배지 10.0 L를 투입하고 이를 30°C로 조정하였다.

발효기에, LB, 1% 글루코스(시그마 케미칼스, 미주리주 세인트 루이스 소재) 및 30 µg/ml의 클로람페니콜(시그마 케미칼스, 미주리주 세인트 루이스 소재)을 함유하는 진탕 플라스크에서 배양한 에쉐리키아 콜라이 W3110(pGDHS06 또는 pGDHM02)의 후기 지수적(late exponential) 배양물을, 600 nm에서의 출발 흡광도(OD₆₀₀)가 0.5~2.0이 되도록 접종하였다. 발효기를 500~1500 rpm에서 진탕시키고, 1.0~15.0 L/분으로 발효기에 공기를 공급하고, 20% v/v 수산화암모늄을 첨가하여 배양물의 pH를 7.0으로 조절하였다. 배양물의 OD₆₀₀이 40에 도달한 후에, 온도를 25°C로 낮추고, 이소프로필-β-D-티오갈락토시다제(IPTG)(시그마 케미칼 코포레이션, 미주리주 세인트 루이스 소재)를 최종 농도 1 mM로 첨가하여 글루코스 데히드로게나제의 발현을 유도하였다. 배양물은 15 시간 더 배양하였다. 유도 후, 원심분리에 의해 세포를 회수하고 10 mM 인산칼륨 완충액(pH 7.0)으로 세척하였다. 세포 페이스트는 하류 회수 공정에 바로 사용하거나 또는 사용 시까지 -80°C에 보관하였다.

실시예 3: GDH 효소 제조물

세포 페이스트를, 3 부피의 100 mM Tris/설페이트(pH 7.2) 중의 1 부피 습윤 중량의 세포 페이스트에 현탁시킨 후 Sorval 12BP에서 5000 g로 40분 동안 원심분리하여 세척하였다. 세척된 세포 페이스트를 2 부피의 100 mM Tris/설페이트(pH 7.2)에 현탁시켰다. 1회차에는 14,000 psig의 압력, 2회차에는 8,000 psig의 압력을 이용하여 균질화기에 현탁액을 2회 통과시켜 세포내 GDH를 세포로부터 방출시켰다. 균질화물을 Beckman 실험실용 원심분리기에서 10,000 rpm으로 60분간 원심분리하였다. 상청액을 경사 분리하고 얇은 용기에 분주하여 -20°C에서 냉동시켜 동결건조시켰다.

실시예 4: GDH 효소 활성 분석

0.5% 글루코스 및 30 µg/ml 클로람페니콜을 함유하는 2x YT 중 30°C에서 세포를 밤새 배양하였다. 그 후 이 배양물을 30 µg/ml의 클로람페니콜을 함유하는 신선한 LB에 20배 희석시키고, 37°C에서 2 시간 배양한 후 1 mM IPTG(이소프로필 티오갈락토시드)를 첨가하였다. 이 배양물(0.3 ml)을 37°C에서 4~5 시간 더 배양하였다.

용해 완충액은 100 mM 트리에탄올아민 완충액(pH 2.0), 2 mg/ml PMBS(폴리믹신 B 설페이트), 1 mg/ml 리소자임, 1 mM PMSF(페닐 메틸 설포닐 플루오라이드)를 함유한다.

세포를 원심분리에 의해 펠릿화하고 실온에서 1.5 시간 동안 진탕시켜 0.2 ml 용해 완충액에 용해시켰다.

100 mM 트리에탄올아민 완충액(pH 7.0), 0.1~0.2 mM NADPH 또는 NADH 및 100 mM 글루코스를 포함하는 수성 분석 혼합물을 제조하였다. 에틸-4-클로로-아세토아세테이트(ECAA) 1 부 및 부틸 아세테이트 2 부로 구성된 용매 혼합물을 상기 분석 혼합물에 첨가하여 반응 혼합물을 형성하였다. 용매 혼합물 대 분석 혼합물의 비는 각각 1:2였다. 열 안정성을 테스트하기 위해, 비희석 용해물을 50°C에서 가열하고, 그 후 반응 혼합물에 첨가하였다. 100 mM 트리에탄올아민 완충액(pH 7.0) 중에 미리 용해된 용액으로서 희석된 글루코스 데히드로게네이트 효소를 첨가하여 반응을 개시시켰다. 반응의 진행은 시간이 경과함에 따른 340 nm에서의 흡광도 증가의 측정에 의해 또는 440 nm에서의 빛의 형광 방출에 의해 추적하였다. 결과는 시간에 대한 흡광도 단위 또는 상대 형광 단위(RFU)(NADPH 또는 NADH)로서 작도하고, 플롯의 기울기를 측정하였다(흡광도 단위/분 또는 RFU/min).

실시예 5: KRED/GDH 커플링 화학 분석

pH 전극 제어 자동 적정기가 구비된 100 mL 용기에, 100 mM 트리에탄올아민(pH 7) 완충액(25 mL) 중의 글루코스(7.5 g) 용액을 투입하였다. 이 용액에 2종의 효소(100 mg KRED; 50 mg GDH) 및 NADP(6.25 mg)를 첨가하였다("KRED"는 케토리덕타제 또는 카르보닐 리덕타제 부류(EC1.1.1.184)이고, 상응하는 프로카이럴 케톤 기질로부터 광학적 활성 알코올의 합성에 유용하다). 그 후 부틸 아세테이트(10 mL)를 첨가하였다. 마지막으로, 부틸 아세테이트(10 mL) 중의 에틸 4-클로로아세테이트(6 g)를 용기에 첨가하였다. 자동 적정기를 사용하여 필요에 따라 4 M NaOH를 적가하여(pH 6.85를 하한치로 설정함), pH 7.0로 일정하게 조정하였다. 부식제가 더 이상 필요하지 않을 때 반응을 완료하였다. 반응 속도는 단위 시간당 첨가된 염기량을 측정하거나 또는 반응 혼합물의 샘플을 취하여 동부피의 에틸 아세테이트로 그 샘플을 3회 추출하고 합한 유기층을 기체 크로마토그래피로 분석하여 단위 시간당 생성된 에틸-S-4-클로로-3-히드록시부티레이트의 양을 측정하여 결정하였다.

본 발명은 특정 구체예를 참고로 하여 기술하였으나, 당업자라면 본 발명의 범위로부터 벗어나지 않으면서 다양한 변화가 이루어질 수 있고 등가물이 치환될 수 있음을 이해할 것이다. 또한, 본 발명의 범위로부터 벗어나지 않으면서 본 발명의 교시에 특정한 상황 또는 재료를 적용하기 위해 다수의 변형이 이루어질 수 있다. 따라서, 본 발명은 개시된 특정 구체예에만 국한되는 것이 아니라, 첨부하는 청구의 범위 내에 속하는 모든 구체예를 포함한다.

(57) 청구의 범위

청구항 1.

서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5배 이상의 활성을 보유하고, 하기 (a)~(e)로 이루어진 군에서 선택되는 폴리펩티드:

(a) 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 아미노산 서열과 91% 이상의 상동성을 보유하는 아미노산 서열을 가지는 폴리펩티드;

(b) (i) 서열 번호 53, 서열 번호 73, 서열 번호 83, 서열 번호 159, 서열 번호 163 또는 서열 번호 167의 뉴클레오티드 서열; (ii) 100개 이상의 뉴클레오티드로 이루어진 (i)의 부분 서열, 또는 (iii) (i) 또는 (ii)의 상보 가닥 중 어느 하나와 중간 염 중도 조건 하에 하이브리드화하는 핵산 서열에 의해 코딩되는 폴리펩티드;

(c) 1~6개 아미노산의 치환, 결실 및/또는 삽입을 포함하는 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 폴리펩티드의 변형체;

(d) 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 보유하는 (a), (b) 또는 (c)의 단편; 및

(e) 50°C 및 pH 7에서 20분의 항온처리 후에 초기 GDH 활성의 80% 이상의 활성을 유지하는 (a), (b) 또는 (c)의 폴리펩티드.

청구항 2.

제1항의 글루코스 데히드로게나제 폴리펩티드를 코딩하는 폴리뉴클레오티드.

청구항 3.

제1항의 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열을 포함하는 분리된 핵산 서열.

청구항 4.

프로모터에 기능적으로(operatively) 연결된 제2항의 폴리뉴클레오티드를 포함하는 발현 벡터.

청구항 5.

제2항의 폴리뉴클레오티드를 발현하도록 형질전환된 숙주 세포.

청구항 6.

제1항의 GDH 폴리펩티드의 제조 방법으로서, (a) 상기 폴리펩티드를 코딩하는 핵산 서열을 함유하는 핵산 구성체를 포함하는 숙주 세포를, 상기 폴리펩티드의 생산에 적합한 조건 하에 배양하는 단계; 및 (b) 상기 폴리펩티드를 회수하는 단계를 포함하는 방법.

청구항 7.

제1항에 있어서, 분리되고 정제된 것인 GDH 폴리펩티드.

청구항 8.

제1항에 있어서, 동결 건조된 형태인 GDH 폴리펩티드.

청구항 9.

제1항에 있어서, 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 아미노산 서열과 91% 이상의 상동성을 보유하는 아미노산 서열을 가지는 것인 폴리펩티드.

청구항 10.

제1항에 있어서, (i) 서열 번호 53, 서열 번호 73, 서열 번호 83, 서열 번호 159, 서열 번호 163 또는 서열 번호 167의 뉴클레오티드 서열, (ii) 100개 이상의 뉴클레오티드로 이루어진 (i)의 부분 서열, 또는 (iii) (i) 또는 (ii)의 상보 가닥 중 어느 하나와 중간 엄중도 조건 하에 하이브리드화하는 핵산 서열에 의해 코딩되는 것인 폴리펩티드.

청구항 11.

제1항에 있어서, 1~6개 아미노산의 치환, 결실 및/또는 삽입을 포함하는 서열 번호 54, 서열 번호 74, 서열 번호 84, 서열 번호 160, 서열 번호 164 또는 서열 번호 168의 폴리펩티드의 변형체인 폴리펩티드.

청구항 12.

제1항에 있어서, 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 보유하는 (a), (b) 또는 (c)의 단편인 폴리펩티드.

청구항 13.

제12항에 있어서, 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 보유하는 (a)의 단편인 폴리펩티드.

청구항 14.

제12항에 있어서, 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 보유하는 (b)의 단편인 폴리펩티드.

청구항 15.

제1항에 있어서, 서열 번호 2의 야생형 GDH의 GDH 활성의 1.5~약 11배의 활성을 보유하는 (c)의 단편인 폴리펩티드.

청구항 16.

제1항에 있어서, 50℃ 및 pH 7에서 20분의 항온처리 후에 초기 GDH 활성의 80% 이상의 활성을 유지하는 (a), (b) 또는 (c)의 폴리펩티드인 폴리펩티드.

청구항 17.

제16항에 있어서, 50℃ 및 pH 7에서 20분의 항온처리 후에 초기 GDH 활성의 80% 이상의 활성을 유지하는 (a)의 폴리펩티드인 폴리펩티드.

청구항 18.

제16항에 있어서, 50℃ 및 pH 7에서 20분의 항온처리 후에 초기 GDH 활성의 80% 이상의 활성을 유지하는 (b)의 폴리펩티드인 폴리펩티드.

청구항 19.

제16항에 있어서, 50℃ 및 pH 7에서 20분의 항온처리 후에 초기 GDH 활성의 80% 이상의 활성을 유지하는 (c)의 폴리펩티드인 폴리펩티드.

청구항 20.

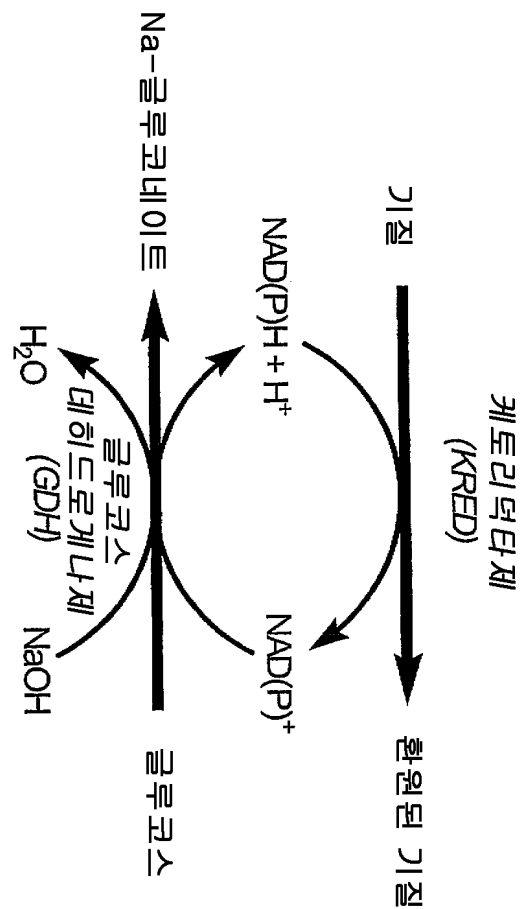
완충 매질 중에 제1항의 폴리펩티드를 포함하는 조성물.

청구항 21.

글루코스 데히드로게나제 효소 활성을 보유하고, 서열 번호 52와 84% 이상의 서열 동일성을 가지는 GDH 폴리펩티드, 서열 번호 72와 98% 이상의 서열 동일성을 가지는 GDH 폴리펩티드 및 서열 번호 58과 98% 이상의 서열 동일성을 가지는 GDH 폴리펩티드로 이루어진 군에서 선택되는 폴리펩티드.

도면

도면1



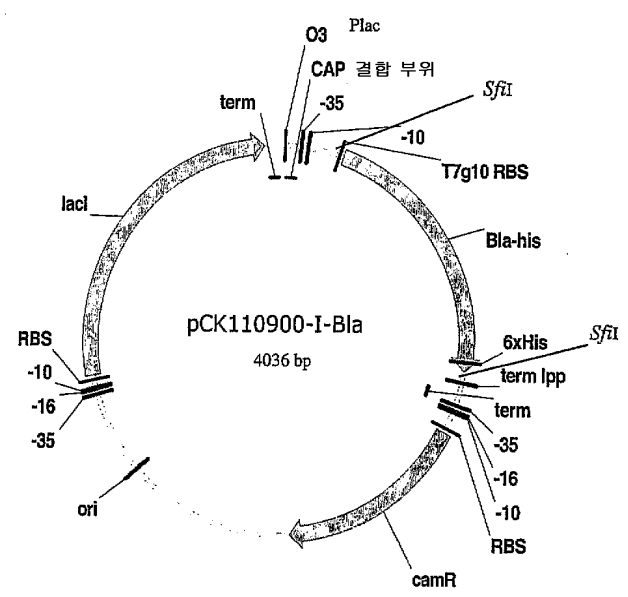
도면2a

서열 번호	WO 200049039	US 5114853	S06-3 JP 04258293	JP 04258289	JP 02072878	EP955375	EP285949 DE3711881	EP1213354	EP1013756	DE3931716	AAA22463 (NCBI No)
78	82.8	82.0	99.2	81.6	82.0	99.2	82.0	83.1	99.2	80.8	98.1
76	82.8	82.0	98.9	81.6	82.0	98.9	82.0	83.1	98.9	80.8	97.7
74	82.8	82.4	99.6	82.0	82.4	99.6	82.0	83.5	99.6	80.8	98.5
72	82.0	81.2	98.1	80.8	81.2	98.1	81.2	82.4	98.1	80.1	96.9
70	82.4	82.0	99.2	81.6	82.0	99.2	81.6	83.1	99.2	80.5	98.1
68	82.4	82.0	98.9	81.6	82.0	98.9	81.6	83.1	98.9	80.5	97.7
66	82.0	81.2	98.1	80.8	81.2	98.1	81.2	82.4	98.1	80.5	96.9
64	82.4	81.6	98.5	81.2	81.6	98.5	81.6	82.8	98.5	80.5	97.3
62	82.0	81.6	98.5	81.2	81.6	98.5	81.2	82.8	98.5	80.5	97.3
60	81.6	81.2	98.1	80.8	81.2	98.1	80.8	82.4	98.1	79.7	96.9
58	81.6	81.2	98.5	80.8	81.2	98.5	80.8	82.4	98.5	79.7	97.3
56	82.8	82.4	99.6	82.0	82.4	99.6	82.0	83.5	99.6	80.8	98.5
54	82.8	82.4	99.2	82.0	82.4	99.2	82.0	83.5	99.2	80.8	98.1
52	82.8	97.3	83.5	96.9	97.3	83.5	82.0	83.1	83.5	96.4	82.8
50	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	81.6	83.1	99.6	80.8	98.5
48	82.8	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	82.0	83.1	99.6	80.8	98.5
46	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	81.6	83.1	99.6	80.8	98.5
44	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	81.6	83.1	99.6	80.5	98.5
40	82.8	82.4	99.2	82.0	82.4	99.2	82.0	83.5	99.2	80.8	98.1
38	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	81.6	83.1	99.6	80.5	98.5

도면2b

시월 번호	WO 200049039	US 5114853	S06-3 JP 04258293	JP 04258289	JP 02072878	EP955375 DE3711881	EP285949 EP1213354	EP1013758	DE383716 AA22463 (NCBI No.)
36	82.8	82.4	99.6	82.0	82.4	99.6	83.5	99.6	80.8
34	82.8	82.4	99.2	82.0	82.4	99.2	83.5	99.2	80.8
32	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	83.1	99.6	80.5
30	82.8	82.4	99.2	82.0	82.4	99.2	83.5	99.2	80.8
28	82.8	82.4	99.2	82.0	82.4	99.2	83.5	99.2	80.8
26	82.8	82.4	99.6	82.0	82.4	99.6	83.5	99.6	80.8
24	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	83.1	99.6	80.5
22	82.8	82.4	99.6	82.0	82.4	99.6	83.5	99.6	80.5
20	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	83.1	99.6	80.5
18	82.8	82.4	99.6	82.0	82.4	99.6	83.5	99.6	80.5
16	82.4	82.0	99.2	81.6	82.0	99.2	83.1	99.2	80.5
14	82.0	81.6	99.2	81.2	81.6	99.2	82.8	99.2	80.1
12	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	83.1	99.6	80.5
10	82.4	82.0	99.6	81.6	82.4	99.6	83.5	99.6	80.8
8	82.8	82.4	99.6	82.0	82.4	99.6	83.5	99.6	80.8
6	82.4	82.0	99.6	81.6	82.0	99.6	83.1	99.6	80.5

도면3



서열목록

SEQUENCE LISTING

<110> Krebber, Anke
Newman, Lisa M.
Davis, S. C.
Jenne, Stephane J.

<120> IMPROVED GLUCOSE DEHYDROGENASE POLYPEPTIDES AND RELATED
POLYNUCLEOTIDES

<130> 15076WO03 0352.310WO

<150> 60/494,300
<151> 2003-08-11

<150> 60/545,657
<151> 2004-02-18

<160> 168

<170> PatentIn version 3.2

<210> 1
<211> 786
<212> DNA
<213> Bacillus subtilis

<220>
<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone (SO6-3orf)

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 1

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	

agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	

180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210> 2			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Bacillus subtilis			
<400> 2			
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu			
85	90	95	

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 3

<211> 786

<212> DNA

<213> Bacillus megaterium

<220>

<221> misc_feature

<223> (M02-6orf)

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 3

atg	tat	aaa	gat	tta	gaa	gga	aaa	gta	gtt	gtc	ata	aca	ggt	tca	tct	48
Met	Tyr	Lys	Asp	Leu	Glu	Gly	Lys	Val	Val	Val	Ile	Thr	Gly	Ser	Ser	
1				5					10					15		

acc	ggt	tta	gga	aaa	gca	atg	gcg	att	cgt	ttt	gcg	aca	gaa	aaa	gct	96
Thr	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Ala	Thr	Glu	Lys	Ala	
		20					25					30				

aaa	gta	gtt	gtg	aat	tat	cgt	tcg	aaa	gaa	gaa	gaa	gct	aac	agc	gtt	144
Lys	Val	Val	Val	Asn	Tyr	Arg	Ser	Lys	Glu	Glu	Glu	Ala	Asn	Ser	Val	
		35					40					45				

tta	gaa	gaa	att	aaa	aaa	gtc	ggc	gga	gag	gca	att	gcg	gtt	aaa	ggt	192
Leu	Glu	Glu	Ile	Lys	Lys	Val	Gly	Gly	Glu	Ala	Ile	Ala	Val	Lys	Gly	
	50					55					60					

gac	gta	aca	gtt	gag	tct	gac	gtg	atc	aat	tta	gtt	caa	tct	gct	att	240
Asp	Val	Thr	Val	Glu	Ser	Asp	Val	Ile	Asn	Leu	Val	Gln	Ser	Ala	Ile	
65					70					75				80		

aaa	gaa	ttt	gga	aag	tta	gat	gtt	atg	att	aat	aac	gca	gga	atg	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Lys	Leu	Asp	Val	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Met	Glu	
			85						90					95		

aat	ccg	gtt	tca	tct	cat	gaa	atg	tct	tta	agc	gat	tgg	aat	aaa	gta	336
Asn	Pro	Val	Ser	Ser	His	Glu	Met	Ser	Leu	Ser	Asp	Trp	Asn	Lys	Val	
		100						105					110			

att	gat	acg	aac	tta	acg	gga	gca	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Asp	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gtg	gaa	aat	gat	att	aag	gga	aca	gtt	att	aat	atg	tcg	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Thr	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtt	cat	gag	aaa	att	cct	tgg	cca	tta	ttt	gtt	cat	tac	gca	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Lys	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145					150					155				160		

agt	aaa	ggt	ggc	atg	aag	ctc	atg	act	gaa	aca	ctt	gca	tta	gaa	tat	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gct cca aaa ggt att cgt gta aat aac att ggg ccg gga gcg att aat 576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

aca ccg att aac gct gag aaa ttt gct gat cct aag cag cgc gca gat 624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Arg Ala Asp
195 200 205

gta gaa agc atg att cca atg gga tac atc gga gag ccg gaa gaa att 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gca gcg gtt gct gca tgg cta gct tct tca gaa gca agt tat gta aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Ser Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggg att acg ctc ttt gct gac ggc ggt atg aca cag tac cca tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

caa gca gga cgc gga taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 4
<211> 261
<212> PRT
<213> Bacillus megaterium

<400> 4

Met Tyr Lys Asp Leu Glu Gly Lys Val Val Val Ile Thr Gly Ser Ser
1 5 10 15

Thr Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Ala Thr Glu Lys Ala
20 25 30

Lys Val Val Val Asn Tyr Arg Ser Lys Glu Glu Glu Ala Asn Ser Val
35 40 45

Leu Glu Glu Ile Lys Lys Val Gly Gly Glu Ala Ile Ala Val Lys Gly
50 55 60

Asp Val Thr Val Glu Ser Asp Val Ile Asn Leu Val Gln Ser Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Lys Leu Asp Val Met Ile Asn Asn Ala Gly Met Glu
85 90 95

Asn Pro Val Ser Ser His Glu Met Ser Leu Ser Asp Trp Asn Lys Val
100 105 110

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

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Thr Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Lys Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Ser Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 5
<211> 789
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 5

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

145	150	155	160	
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac				528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr				
	165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac				576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn				
	180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat				624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp				
	195	200	205	
gca gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc				672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile				
	210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca				720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr				
	225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc				768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe				
	245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga				789
Gln Ala Gly Arg Gly				
	260			

<210> 6
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 6

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

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

$\langle 210 \rangle$ 7

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

 $\langle 220 \rangle$

<223> derived from bacillus

 $\langle 220 \rangle$

<221> misc feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

$\langle 220 \rangle$

<221> CDS

 $\langle 222 \rangle \quad (1) \dots (789)$

<400> 7

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

aat cct gtg cca tcg cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc 336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg aca aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 8

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 8

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 9
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 9
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu

85	90	95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc			336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val			
100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gca gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 10

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 10

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 11
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 11
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gac aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Asp Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc aag att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Lys Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc	768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe	
245 250 255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga	789
Gln Ala Gly Arg Gly	
260	

<210> 12
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 12

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Asp Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Lys Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 13
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 13
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gac aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Asp Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc aag att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Lys Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 14
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 14

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Asp Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Lys Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 15
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (789)

<400> 15

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gat att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Asp Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gca gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 16
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 16

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Asp Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 17
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 17

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ttt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Phe	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150					155					160		

agt	aaa	ggc	ggg	ata	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Ile	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210>	18		
<211>	261		
<212>	PRT		
<213>	Artificial		
<220>			
<223>	derived from bacillus		
<400>	18		
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Phe Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 19
<211> 786
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 19

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

145	150	155	160	
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac				528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr				
	165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac				576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn				
	180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa tac gct gac cct aaa cag aaa gct gat				624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Tyr Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp				
	195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc				672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile				
	210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca				720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr				
	225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc				768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe				
	245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa				786
Gln Ala Gly Arg Gly				
	260			

<210> 20
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 20

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

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Tyr Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 21

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 21

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gca gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ttt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Phe Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 22

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 22

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Phe Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 23
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 23
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu

85	90	95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc			336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val			
100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct aaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Lys Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 24
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 24

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Lys Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 25
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 25
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg tta aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc	768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe	
245 250 255	
cag gca ggc cgc ggt taa	786
Gln Ala Gly Arg Gly	
260	

<210> 26
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 26

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 27
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 27
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val 35 40 45	144
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly 50 55 60	192
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile 65 70 75 80	240
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu 85 90 95	288
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val 100 105 110	336
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile 115 120 125	384
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser 130 135 140	432
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala 145 150 155 160	480
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr 165 170 175	528
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn 180 185 190	576
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp 195 200 205	624
gta gca agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc Val Ala Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile 210 215 220	672
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr 225 230 235 240	720

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
 Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
 245 250 255

cag gca ggc cgt ggt taa 786
 Gln Ala Gly Arg Gly
 260

<210> 28
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 28

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Ala Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 29
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (786)

<400> 29

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tcg ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg tta aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg gag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Glu Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 30
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 30

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Glu Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 31

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 31

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100					105						110			

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150					155					160		

agt	aaa	ggc	ggg	ata	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Ile	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg aca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210> 32			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Artificial			
<220>			
<223> derived from bacillus			
<400> 32			
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 33
<211> 786
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 33

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tcg ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

```

145                150                155                160

agt aaa ggc ggg tta aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac      528
Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
                165                170                175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac      576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
                180                185                190

acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat      624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
                195                200                205

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc      672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
                210                215                220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg gag gaa gcc agc tac gtc aca      720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Glu Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225                230                235                240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc      768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
                245                250                255

cag gca ggc cgc ggt taa      786
Gln Ala Gly Arg Gly
                260

```

<210> 34

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 34

```

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1                5                10                15

```

```

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
                20                25                30

```

```

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35                40                45

```

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Glu Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 35

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 35

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gcc att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca cta gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg gta aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Val Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gtg gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 36

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 36

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Val Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 37
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 37
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu

85	90	95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc			336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val			
100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gca gaa agc atg att cca atg ggg tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 38
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 38

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 39
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 39
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat gtc gtg caa acg gca att Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Val Val Gln Thr Ala Ile 65 70 75 80	240
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu 85 90 95	288
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val 100 105 110	336
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile 115 120 125	384
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser 130 135 140	432
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg ttg ttt gtc cac tat gcg gca Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala 145 150 155 160	480
agt aaa ggc ggg gta aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac Ser Lys Gly Gly Val Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr 165 170 175	528
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn 180 185 190	576
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp 195 200 205	624
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile 210 215 220	672
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr 225 230 235 240	720
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe 245 250 255	768
cag gca ggc cgc ggt taa tga Gln Ala Gly Arg Gly 260	789

<210> 40
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 40

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Val Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Val Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 41
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 41
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg cag aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Gln Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa cca gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 42
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 42

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Gln Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 43
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (789)

<400> 43

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg cag aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Gln Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa cca gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 44
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 44

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Gln Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 45

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 45

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gca	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Ala	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	

agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	

180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210> 46			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Artificial			
<220>			
<223> derived from bacillus			
<400> 46			
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Ala
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 47
<211> 786
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 47

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

145	150										155					160					
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac																					528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr																					
	165					170					175										
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac																					576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn																					
	180					185					190										
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat																					624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp																					
	195					200					205										
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc																					672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile																					
	210					215					220										
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca																					720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr																					
225	230					235					240										
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca cta tat cct tca ttc																					768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe																					
	245					250					255										
cag gca ggc cgc ggt taa																					786
Gln Ala Gly Arg Gly																					
	260																				

```
<210>      48
<211>      261
<212>      PRT
<213>      Artificial

<220>
<223>      derived from bacillus

<400>      48
```

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

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 49

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 49

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg ata aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tgt cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Cys Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 50

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 50

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Ile Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Cys Pro Ser Phe
245 250 255

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 51
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. megaterium GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 51
atg tat aaa gat tta gaa gga aaa gta gtt gtc ata aca ggt tca tct 48
Met Tyr Lys Asp Leu Glu Gly Lys Val Val Val Ile Thr Gly Ser Ser
1 5 10 15

acc ggt tta gga aaa gca atg gcg att cgt ttt gcg aca gaa aaa gct 96
Thr Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Ala Thr Glu Lys Ala
20 25 30

aaa gta gtt gtg aat tat cgt tcg aaa gaa gaa gaa gct aac agc gtt 144
Lys Val Val Val Asn Tyr Arg Ser Lys Glu Glu Glu Ala Asn Ser Val
35 40 45

tta gaa gaa att aaa aaa gtc ggc gga gag gca att gcg gtt aaa ggt 192
Leu Glu Glu Ile Lys Lys Val Gly Gly Glu Ala Ile Ala Val Lys Gly
50 55 60

gac gta aca gtt gag tct gac gtg atc aat tta gtt caa tct gct att 240
Asp Val Thr Val Glu Ser Asp Val Ile Asn Leu Val Gln Ser Ala Ile
65 70 75 80

aaa gaa ttt gga aag tta gat gtt atg att aat aac gca gga atg gaa 288
Lys Glu Phe Gly Lys Leu Asp Val Met Ile Asn Asn Ala Gly Met Glu

85	90	95	
aat ccg gtt tca tct cat gaa atg tct tta agc gat tgg aat aaa gta			336
Asn Pro Val Ser Ser His Glu Met Ser Leu Ser Asp Trp Asn Lys Val			
100	105	110	
att gat acg aac tta acg gga gca ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Asp Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gtg gaa aat gat att aag gga aca gtt att aat atg tcg			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Thr Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtt cat gag aaa att cct tgg cca tta ttt gtt cat tac gca gca			480
Ser Val His Glu Lys Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggt ggc atg aag ctc atg act gaa aca ctt gca tta gaa tat			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcc cca aaa ggt att cgt gta aat aac att ggg ccg gga gcg att aat			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
aca ccg att aac gct gag aaa ttt gct gat cct aag cag cgc gca gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Arg Ala Asp			
195	200	205	
gcc gaa agc atg att cca atg gga tac atc gga gag ccg gaa gaa att			672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gca gcg gtt gct gca tgg cta gct tct tca gaa gca agt tat gta aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Ser Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggg att acg ctc ttt gct gac ggc ggt atg aca cag tac cca tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
caa gca gga cgc gga taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 52

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 52

Met Tyr Lys Asp Leu Glu Gly Lys Val Val Val Ile Thr Gly Ser Ser
1 5 10 15

Thr Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Ala Thr Glu Lys Ala
20 25 30

Lys Val Val Val Asn Tyr Arg Ser Lys Glu Glu Glu Ala Asn Ser Val
35 40 45

Leu Glu Glu Ile Lys Lys Val Gly Gly Glu Ala Ile Ala Val Lys Gly
50 55 60

Asp Val Thr Val Glu Ser Asp Val Ile Asn Leu Val Gln Ser Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Lys Leu Asp Val Met Ile Asn Asn Ala Gly Met Glu
85 90 95

Asn Pro Val Ser Ser His Glu Met Ser Leu Ser Asp Trp Asn Lys Val
100 105 110

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

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Thr Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Lys Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Ser Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 53
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 53
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc	768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe	
245 250 255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga	789
Gln Ala Gly Arg Gly	
260	

<210> 54
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 54

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 55

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 55

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg aca aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 56
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 56

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 57
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (789)

<400> 57

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg aca aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct aag aaa tat gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Lys Lys Tyr Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gcc gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg ttg ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 58
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 58

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Lys Lys Tyr Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 59

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (789)

<400> 59

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100					105					110				

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150					155					160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg cca atc aat gct aag aaa tat gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Lys Lys Tyr Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gcc gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc gtc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210> 60			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Artificial			
<220>			
<223> derived from bacillus			
<400> 60			
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Lys Lys Tyr Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 61
<211> 789
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 61

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gca	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Ala	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

145	150								155								160								
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac																									528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr																									
	165								170								175								
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac																									576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn																									
	180								185								190								
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat																									624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp																									
	195								200								205								
gcc gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc																									672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile																									
	210								215								220								
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca																									720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr																									
225	230								235								240								
ggc gtc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc																									768
Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe																									
	245								250								255								
cag gca ggc cgc ggt taa tga																									789
Gln Ala Gly Arg Gly																									
	260																								

<210>	62
<211>	261
<212>	PRT
<213>	Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 62

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Ala
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 63

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 63

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggc	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggc	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
				85				90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc 432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca 480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac 528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac 576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat 624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

gcc gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc gtc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca cta tat cct tca ttc 768
Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 64

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 64

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 65

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 65

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gca 288
 Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Ala
 85 90 95

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc 336
 Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
 Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc 432
 Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca 480
 Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac 528
 Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac 576
 Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
 180 185 190

acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat 624
 Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
 195 200 205

gcc gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
 Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
 210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
 Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
 225 230 235 240

ggc gtc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca cta tat cct tca ttc 768
 Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe
 245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
 Gln Ala Gly Arg Gly
 260

<210> 66
 <211> 261
 <212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 66

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Ala
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 67

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 67

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat agt gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Ser Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc	768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe	
245 250 255	

cag gca ggc cgc ggt taa tga
Gln Ala Gly Arg Gly
260

789

<210> 68
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 68

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Ser Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 69
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 69
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat agt gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Ser Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg aca aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
 Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
 225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
 Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
 245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
 Gln Ala Gly Arg Gly
 260

<210> 70
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 70

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Ser Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Thr Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 71
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 71

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
			20					25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
			35				40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggg	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65					70					75					80	

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	agt	gcc	ggg	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Ser	Ala	Gly	Leu	Glu	
				85				90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
			100					105					110			

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggg	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
			115				120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
			130				135					140				

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145					150					155					160	

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
				165						170				175		

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggg	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	
			180					185					190			

acg	cca	atc	aat	gct	gaa	aaa	ttc	gct	gac	cct	aaa	cag	aaa	gct	gat	624
Thr	Pro	Ile	Asn	Ala	Glu	Lys	Phe	Ala	Asp	Pro	Lys	Gln	Lys	Ala	Asp	

195	200	205	
gcc gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc gtc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca cta tat cct tca ttc			768
Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe			
	245	250	255
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 72
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 72

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Ser Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 73

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 73

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggc	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggc	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105				110				

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggc	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gag	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115				120						125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gag	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145					150					155				160		

agt	aaa	ggc	ggg	ctt	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gag	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Leu	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	

165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 74

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 74

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 75
 <211> 789
 <212> DNA
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(789)

<400> 75
 atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
 Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15
 tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
 Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30
 aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
 Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45
 aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
 Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60
 gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
 Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80
 aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
 Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95
 aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc 336
 Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110
 atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
 Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125
 aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc 432
 Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser

130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
	165	170	175
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
	180	185	190
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
	195	200	205
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
	210	215	220
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca cta tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe			
	245	250	255
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
	260		

<210> 76

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 76

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 77

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 77

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc 336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val

100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg ctt aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca cta tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Leu Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 78

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 78

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 79

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> B subtilus GDH forward primer

<400> 79

gaattcgccc atatgtatcc ggattttaaaa gg

32

<210> 80

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> B subtilus reverse GDH primer

<400> 80

tggccgcatc ctcattaacc gcggcctgcc tgga

34

<210> 81
 <211> 32
 <212> DNA
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> B. megaterium GDH forward primer

<400> 81
 gaattcgccc atatgtataa agatttagaa gg 32

<210> 82
 <211> 33
 <212> DNA
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> B. megaterium GDH reverse primer

<400> 82
 ggccggatcc tcattatccg cgtcctgctt gga 33

<210> 83
 <211> 789
 <212> DNA
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (789)

<400> 83

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg cca atc aat gct gaa aaa ttc gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gcc gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc gtc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 84
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 84

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Ala Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

Gly Val Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 85

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 85

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cg	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65					70					75					80	

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85						90					95		

aat	cct	gtg	ccg	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
			100					105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
		130					135				140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145					150					155					160	

agt	aaa	ggc	ggg	ctt	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Leu	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
				165					170					175		

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac 576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

acg cca atc aat gct gaa aaa ttc act gac cct aaa cag aaa gct gat 624
Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Thr Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 86
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 86

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Leu Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Pro Ile Asn Ala Glu Lys Phe Thr Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 87
<211> 786
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 87

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg gac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asp Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

```

145                150                155                160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac      528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
                165                170                175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac      576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
                180                185                190

acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat      624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
                195                200                205

gta gaa agc atg att cca atg ggt tat atc ggc gaa ccg gag gag atc      672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
                210                215                220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca      720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225                230                235                240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc      768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
                245                250                255

cag gca ggc cgc ggt taa      786
Gln Ala Gly Arg Gly
                260

```

<210> 88

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 88

```

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1                5                10                15

```

```

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
                20                25                30

```

```

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asp Glu Val
35                40                45

```

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 89

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

 $\langle 220 \rangle$

<223> derived from bacillus

 $\langle 220 \rangle$

<221> misc feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

$\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 89

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc 336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg ctt tat atc ggt gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Leu Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 90

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 90

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Leu Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 91
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 91
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc act ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu

85	90	95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc			336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val			
100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct ctg cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Leu Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 92

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 92

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Leu Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 93
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 93
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa act atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Thr Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc	768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe	
245 250 255	
cag gca ggc cgc ggt taa	786
Gln Ala Gly Arg Gly	
260	

<210> 94
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 94

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Thr Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 95
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 95
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val 35 40 45	144
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly 50 55 60	192
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile 65 70 75 80	240
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu 85 90 95	288
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val 100 105 110	336
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile 115 120 125	384
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser 130 135 140	432
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala 145 150 155 160	480
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr 165 170 175	528
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn 180 185 190	576
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac agg aaa cag aaa gct gat Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Arg Lys Gln Lys Ala Asp 195 200 205	624
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile 210 215 220	672
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr 225 230 235 240	720

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
 Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
 245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
 Gln Ala Gly Arg Gly
 260

<210> 96
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 96

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Arg Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 97
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (786)

<400> 97

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gta aaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Lys Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 98
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 98

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Lys Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 99

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 99

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100					105						110			

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115				120						125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	att	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135				140						

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150					155					160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg acg atc aat gct gct aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Ala Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210>	100		
<211>	261		
<212>	PRT		
<213>	Artificial		
<220>			
<223>	derived from bacillus		
<400>	100		
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Ala Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 101
<211> 786
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 101

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

```

145                150                155                160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac      528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
                165                170                175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac      576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
                180                185                190

acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac aat aaa cag aaa gct gat      624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Asn Lys Gln Lys Ala Asp
                195                200                205

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc      672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
                210                215                220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca      720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
                225                230                235                240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc      768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
                245                250                255

cag gca ggc cgc ggt taa      786
Gln Ala Gly Arg Gly
                260

```

<210> 102

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 102

```

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1                5                10                15

```

```

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
                20                25                30

```

```

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35                40                45

```

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Asn Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 103

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 103

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65					70					75				80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac gat aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Asp Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 104

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 104

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Asp Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 105

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 105

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala

1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96

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

20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val

35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly

50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240

Asp Val Thr Lys Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile

65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu

85	90	95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc			336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val			
100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat gct ggt aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Gly Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 106

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 106

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Gly Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 107
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 107
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile 65 70 75 80	240
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu 85 90 95	288
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val 100 105 110	336
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile 115 120 125	384
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser 130 135 140	432
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala 145 150 155 160	480
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg acg gaa aca tta gcg ttg gaa tac Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr 165 170 175	528
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn 180 185 190	576
acg acg atc aat gct ttg aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat Thr Thr Ile Asn Ala Leu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp 195 200 205	624
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile 210 215 220	672
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr 225 230 235 240	720
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe 245 250 255	768
cag gca ggc cgc ggt taa Gln Ala Gly Arg Gly 260	786

<210> 108
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 108

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Leu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 109

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 109

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc gct gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Ala Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 110
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 110

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Ala Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 111
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (786)

<400> 111

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aat gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Asn Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct aat cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asn Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 112
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 112

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Asn Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asn Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 113

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 113

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150						155				160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa atg gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Met Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210> 114			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Artificial			
<220>			
<223> derived from bacillus			
<400> 114			
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Met Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 115

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 115

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

145	150	155	160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac				528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr				
	165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac				576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn				
	180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat				624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp				
	195	200	205	
gta gaa ggt atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc				672
Val Glu Gly Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile				
	210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca				720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr				
	225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc				768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe				
	245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa				786
Gln Ala Gly Arg Gly				
	260			

<210> 116

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 116

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Gly Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 117

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 117

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65					70					75				80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 118

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 118

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 119

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 119

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala

1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96

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

20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac aag gta 144

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Lys Val

35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly

50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240

Asp Val Thr Lys Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile

65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu

85	90	95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc			336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val			
100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt ggg gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Gly Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 120

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 120

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Lys Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Gly Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 121
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 121
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile 65 70 75 80	240
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu 85 90 95	288
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val 100 105 110	336
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile 115 120 125	384
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser 130 135 140	432
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala 145 150 155 160	480
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr 165 170 175	528
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn 180 185 190	576
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct cag cag aaa gct gat Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Gln Gln Lys Ala Asp 195 200 205	624
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile 210 215 220	672
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr 225 230 235 240	720
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe 245 250 255	768
cag gca ggc cgc ggt taa Gln Ala Gly Arg Gly 260	786

<210> 122
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 122

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Gln Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 123
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 123
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt agt gac cct aaa cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ser Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 124
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 124

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ser Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 125

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 125

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct act cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Thr Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 126
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 126

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Thr Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 127

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 127

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	agg	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Arg	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150						155				160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt ttg gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Leu Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210> 128			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Artificial			
<220>			
<223> derived from bacillus			
<400> 128			
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Arg Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Leu Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 129

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 129

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

145	150										155					160					
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac																					528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr																					
	165					170					175										
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac																					576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn																					
	180					185					190										
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat																					624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp																					
	195					200					205										
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc																					672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile																					
	210					215					220										
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca																					720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr																					
225	230					235					240										
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc																					768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe																					
	245					250					255										
cag gca ggc cgc ggt taa																					786
Gln Ala Gly Arg Gly																					
	260																				

<210>	130
<211>	261
<212>	PRT
<213>	Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

 $\langle 400 \rangle$ 130

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 131

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 131

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65					70					75				80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	

115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc caa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Gln Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 132

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 132

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Gln Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 133
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 133
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu

85	90	95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc			336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val			
100	105	110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att			384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile			
115	120	125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc			432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser			
130	135	140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca			480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala			
145	150	155	160
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac			528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr			
165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 134

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 134

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 135
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 135
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

<210> 136
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 136

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 137

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 137

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val 35 40 45	144
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly 50 55 60	192
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile 65 70 75 80	240
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu 85 90 95	288
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val 100 105 110	336
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile 115 120 125	384
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser 130 135 140	432
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala 145 150 155 160	480
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr 165 170 175	528
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn 180 185 190	576
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp 195 200 205	624
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc caa ccg gag gag atc Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Gln Pro Glu Glu Ile 210 215 220	672
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr 225 230 235 240	720

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
 Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
 245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
 Gln Ala Gly Arg Gly
 260

<210> 138
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 138

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Gln Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 139
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (786)

<400> 139

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aat cag aaa gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Asn Gln Lys Ala Asp	
195 200 205	

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 140
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 140

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Asn Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 141

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 141

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150					155					160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc caa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Gln Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210> 142			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Artificial			
<220>			
<223> derived from bacillus			
<400> 142			
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Gln Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 143
<211> 786
<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 143

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	

145	150								155				160				
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac																	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr																	
	165								170				175				
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac																	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn																	
	180								185				190				
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct gat aat aaa gct gat																	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Asp Asn Lys Ala Asp																	
	195								200				205				
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc																	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile																	
	210								215				220				
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca																	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr																	
225					230								240				
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc																	768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe																	
	245								250				255				
cag gca ggc cgc ggt taa																	786
Gln Ala Gly Arg Gly																	
	260																

$\langle 210 \rangle$ 144

$\langle 211 \rangle$ 261

<212> PRT

<213> Artificial

 $\langle 220 \rangle$

<223> derived from bacillus

$\langle 400 \rangle$ 144

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Asp Asn Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 145

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 145

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	gga	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gat	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Asp	Val	
		35					40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggc	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggc	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc 432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca 480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac 528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac 576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat 624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 146

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 146

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Asp Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 147

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 147

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
 Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccc ctc aag gat tgg gat aaa gtc 336
 Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
 Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc 432
 Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca 480
 Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac 528
 Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac 576
 Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
 180 185 190

acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat 624
 Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
 195 200 205

gta gaa agc atg atc cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
 Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
 210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
 Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
 225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
 Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
 245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
 Gln Ala Gly Arg Gly
 260

<210> 148

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 148

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 149

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 149

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtt gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tac gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tat gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr	
225 230 235 240	
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc	768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe	
245 250 255	

cag gca ggc cgc ggt taa
Gln Ala Gly Arg Gly
260

786

<210> 150
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 150

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 151
<211> 786
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(786)

<400> 151
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aag caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gta att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gca gat	624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile	
210 215 220	

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 152
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 152

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 153

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (786)

<400> 153

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
			20					25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
			35				40					45				

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggg	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggg	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
			100					105					110			

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggg	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
			115				120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
			130				135				140					

agt	gtg	cac	gaa	gta	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145					150					155				160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
				165					170					175		

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggg	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	
			180					185					190			

acg	acg	atc	aat	aag	gag	aaa	ttt	gct	gac	gat	aaa	cag	aaa	gct	gat	624
Thr	Thr	Ile	Asn	Lys	Glu	Lys	Phe	Ala	Asp	Asp	Lys	Gln	Lys	Ala	Asp	

195

200

205

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa 786
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 154
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 154

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Asp Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 155

<211> 786

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(786)

<400> 155

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	gct	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	
1				5				10					15			

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20						25					30			

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggg	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55					60					

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggg	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
			100					105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggg	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
		130				135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	ccg	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145					150					155				160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tat	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	

165	170	175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac			576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn			
180	185	190	
acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac gat aaa cag aaa gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Asp Lys Gln Lys Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa			786
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			

<210> 156

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 156

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Asp Lys Gln Lys Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 157
 <211> 786
 <212> DNA
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<220>
 <221> misc_feature
 <223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(786)

<400> 157
 atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
 Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15
 tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
 Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30
 aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
 Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45
 aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc cga gga 192
 Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Arg Gly
 50 55 60
 gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
 Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80
 aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
 Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95
 aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc 336
 Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110
 atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att 384
 Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125
 aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc 432
 Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser

```

130              135              140

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg ccg tta ttt gtc cac tat gcg gca      480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145              150              155              160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac      528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
              165              170              175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac      576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
              180              185              190

acg acg atc aat gct gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat      624
Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
              195              200              205

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc      672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
              210              215              220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca      720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225              230              235              240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc      768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
              245              250              255

cag gca ggc cgc ggt taa      786
Gln Ala Gly Arg Gly
              260

```

<210> 158

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 158

```

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1              5              10              15

```

```

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20              25              30

```

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Arg Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Ala Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 159

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<400> 159

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att 240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa 288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

```

aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc      336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
      100                      105                      110

atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att      384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
      115                      120                      125

aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc      432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
      130                      135                      140

agt gtg cac gaa gtg att cct tgg cca tta ttt gtc cac tat gcg gca      480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
      145                      150                      155                      160

agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca gaa aca tta gcg ttg gaa tac      528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
      165                      170                      175

gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac      576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
      180                      185                      190

acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat      624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
      195                      200                      205

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc      672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
      210                      215                      220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca      720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
      225                      230                      235                      240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc      768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
      245                      250                      255

cag gca ggc cgc ggt taa tga      789
Gln Ala Gly Arg Gly
      260

```

<210> 160

<211> 261

<212> PRT

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<400> 160

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 161
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 161
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct act 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Thr
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta 144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga 192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

<210> 162
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 162

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Thr
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Lys Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
 165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 163
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)

<400> 163
atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct 48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca 96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gtg cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc ggc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg cca tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggt ggg atg aag ctg atg aca aaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Lys Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aat	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp	
195 200 205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gat gag atc	672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Asp Glu Ile	
210 215 220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc tgc tac gtc aca	720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Cys Tyr Val Thr	
225 230 235 240	

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc 768
 Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
 245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
 Gln Ala Gly Arg Gly
 260

<210> 164
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Artificial

<220>
 <223> derived from bacillus

<400> 164

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
 1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
 20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
 35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
 50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
 65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
 85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
 100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
 115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
 130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Lys Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Asp Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Cys Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 165
<211> 789
<212> DNA
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<220>
<221> misc_feature
<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>
<221> CDS
<222> (1) .. (789)

<400> 165

atg tat ccg gat tta aaa gga aaa gtc gtc gct att aca gga gct gct	48
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala	
1 5 10 15	
tca ggg ctc gga aag gcg atg gcc att cgc ttc ggc aag gag cag gca	96
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala	
20 25 30	
aaa gtg gtt atc aac tat tat agt aat aaa caa gat ccg aac gag gta	144
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val	
35 40 45	
aaa gaa gag gtc atc aag gcg ggc ggt gaa gct gtt gtc gtc caa gga	192
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly	
50 55 60	
gat gtc acg aaa gag gaa gat gta aaa aat atc gtg caa acg gca att	240
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile	
65 70 75 80	
aag gag ttc ggc aca ctc gat att atg att aat aat gcc ggt ctt gaa	288
Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu	
85 90 95	
aat cct gta cca tct cac gaa atg ccg ctc aag gat tgg gat aaa gtc	336
Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val	
100 105 110	
atc agc acg aac tta acg ggt gcc ttt tta gga agc cgt gaa gcg att	384
Ile Ser Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile	
115 120 125	
aaa tat ttc gta gaa aac gat atc aag gga aat gtc att aac atg tcc	432
Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser	
130 135 140	
agt gtg cac gaa gtg att cct tgg cca tta ttt gtc cac tat gcg gca	480
Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala	
145 150 155 160	
agt aaa ggc ggg atg aag ctg atg aca aaa aca tta gcg ttg gaa tac	528
Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Lys Thr Leu Ala Leu Glu Tyr	
165 170 175	
gcg ccg aag ggc att cgc gtc aat aat att ggg cca ggt gcg atc aac	576
Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn	
180 185 190	
acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac tct gaa cag aga gct gat	624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Ser Glu Gln Arg Ala Asp	
195 200 205	

gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc 672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca 720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttt 768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe
245 250 255

cag gca ggc cgc ggt taa tga 789
Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 166
<211> 261
<212> PRT
<213> Artificial

<220>
<223> derived from bacillus

<400> 166

Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Ala
1 5 10 15

Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala
20 25 30

Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val
35 40 45

Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly
50 55 60

Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile
65 70 75 80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Ser Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Lys Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Ser Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260

<210> 167

<211> 789

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> derived from bacillus

<220>

<221> misc_feature

<223> based upon B. subtilis GDH backbone

<220>

<221> CDS

<222> (1) .. (789)

<400> 167

atg	tat	ccg	gat	tta	aaa	gga	aaa	gtc	gtc	gct	att	aca	gga	gct	act	48
Met	Tyr	Pro	Asp	Leu	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	Thr	
1				5				10						15		

tca	ggg	ctc	gga	aag	gcg	atg	gcc	att	cgc	ttc	ggc	aag	gag	cag	gca	96
Ser	Gly	Leu	Gly	Lys	Ala	Met	Ala	Ile	Arg	Phe	Gly	Lys	Glu	Gln	Ala	
		20					25					30				

aaa	gtg	gtt	atc	aac	tat	tat	agt	aat	aaa	caa	gat	ccg	aac	gag	gta	144
Lys	Val	Val	Ile	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Asn	Lys	Gln	Asp	Pro	Asn	Glu	Val	
		35					40				45					

aaa	gaa	gag	gtc	atc	aag	gcg	ggc	ggt	gaa	gct	gtt	gtc	gtc	caa	gga	192
Lys	Glu	Glu	Val	Ile	Lys	Ala	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Val	Val	Gln	Gly	
	50					55				60						

gat	gtc	acg	aaa	gag	gaa	gat	gta	aaa	aat	atc	gtg	caa	acg	gca	att	240
Asp	Val	Thr	Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Lys	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	
65				70				75						80		

aag	gag	ttc	ggc	aca	ctc	gat	att	atg	att	aat	aat	gcc	ggt	ctt	gaa	288
Lys	Glu	Phe	Gly	Thr	Leu	Asp	Ile	Met	Ile	Asn	Asn	Ala	Gly	Leu	Glu	
			85					90						95		

aat	cct	gtg	cca	tct	cac	gaa	atg	ccg	ctc	aag	gat	tgg	gat	aaa	gtc	336
Asn	Pro	Val	Pro	Ser	His	Glu	Met	Pro	Leu	Lys	Asp	Trp	Asp	Lys	Val	
		100						105						110		

atc	ggc	acg	aac	tta	acg	ggt	gcc	ttt	tta	gga	agc	cgt	gaa	gcg	att	384
Ile	Gly	Thr	Asn	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Ala	Ile	
		115					120					125				

aaa	tat	ttc	gta	gaa	aac	gat	atc	aag	gga	aat	gtc	att	aac	atg	tcc	432
Lys	Tyr	Phe	Val	Glu	Asn	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Val	Ile	Asn	Met	Ser	
	130					135					140					

agt	gtg	cac	gaa	gtg	att	cct	tgg	cca	tta	ttt	gtc	cac	tat	gcg	gca	480
Ser	Val	His	Glu	Val	Ile	Pro	Trp	Pro	Leu	Phe	Val	His	Tyr	Ala	Ala	
145				150					155					160		

agt	aaa	ggc	ggg	atg	aag	ctg	atg	aca	gaa	aca	tta	gcg	ttg	gaa	tac	528
Ser	Lys	Gly	Gly	Met	Lys	Leu	Met	Thr	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Glu	Tyr	
			165					170					175			

gcg	ccg	aag	ggc	att	cgc	gtc	aat	aat	att	ggg	cca	ggt	gcg	atc	aac	576
Ala	Pro	Lys	Gly	Ile	Arg	Val	Asn	Asn	Ile	Gly	Pro	Gly	Ala	Ile	Asn	

180	185	190	
acg acg atc aat aag gag aaa ttt gct gac cct gaa cag aga gct gat			624
Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp			
195	200	205	
gta gaa agc atg att cca atg gga tat atc ggc gaa ccg gag gag atc			672
Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile			
210	215	220	
gcc gca gta gca gcc tgg ctt gct tcg aag gaa gcc agc tac gtc aca			720
Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr			
225	230	235	240
ggc atc acg tta ttc gcg gac ggc ggt atg aca caa tat cct tca ttc			768
Gly Ile Thr Leu Phe Ala Asp Gly Gly Met Thr Gln Tyr Pro Ser Phe			
245	250	255	
cag gca ggc cgc ggt taa tga			789
Gln Ala Gly Arg Gly			
260			
<210>	168		
<211>	261		
<212>	PRT		
<213>	Artificial		
<220>			
<223>	derived from bacillus		
<400>	168		
Met Tyr Pro Asp Leu Lys Gly Lys Val Val Ala Ile Thr Gly Ala Thr			
1	5	10	15
Ser Gly Leu Gly Lys Ala Met Ala Ile Arg Phe Gly Lys Glu Gln Ala			
20	25	30	
Lys Val Val Ile Asn Tyr Tyr Ser Asn Lys Gln Asp Pro Asn Glu Val			
35	40	45	
Lys Glu Glu Val Ile Lys Ala Gly Gly Glu Ala Val Val Val Gln Gly			
50	55	60	
Asp Val Thr Lys Glu Glu Asp Val Lys Asn Ile Val Gln Thr Ala Ile			
65	70	75	80

Lys Glu Phe Gly Thr Leu Asp Ile Met Ile Asn Asn Ala Gly Leu Glu
85 90 95

Asn Pro Val Pro Ser His Glu Met Pro Leu Lys Asp Trp Asp Lys Val
100 105 110

Ile Gly Thr Asn Leu Thr Gly Ala Phe Leu Gly Ser Arg Glu Ala Ile
115 120 125

Lys Tyr Phe Val Glu Asn Asp Ile Lys Gly Asn Val Ile Asn Met Ser
130 135 140

Ser Val His Glu Val Ile Pro Trp Pro Leu Phe Val His Tyr Ala Ala
145 150 155 160

Ser Lys Gly Gly Met Lys Leu Met Thr Glu Thr Leu Ala Leu Glu Tyr
165 170 175

Ala Pro Lys Gly Ile Arg Val Asn Asn Ile Gly Pro Gly Ala Ile Asn
180 185 190

Thr Thr Ile Asn Lys Glu Lys Phe Ala Asp Pro Glu Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Val Glu Ser Met Ile Pro Met Gly Tyr Ile Gly Glu Pro Glu Glu Ile
210 215 220

Ala Ala Val Ala Ala Trp Leu Ala Ser Lys Glu Ala Ser Tyr Val Thr
225 230 235 240

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

Gln Ala Gly Arg Gly
260