(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2010-0119410
(43) 공개일자 2010년11월09일

(51) Int. Cl.
C12N 9/14 (2006.01) *C12P 19/04* (2006.01)
C12R 1/125 (2006.01) *C12R 1/66* (2006.01)
(21) 출원번호 10-2009-0038512
(22) 출원일자 2009년04월30일
심사청구일자 2009년04월30일

(71) 출원인
고려대학교 산학협력단
서울 성북구 안암동5가 1
(72) 발명자
김경헌
서울특별시 서초구 서초4동 삼풍아파트 18-703
최인걸
서울특별시 중구 신당3동 남산타운아파트 8-502
이희진
서울특별시 성북구 보문동1가 60-20번지
(74) 대리인
구현서

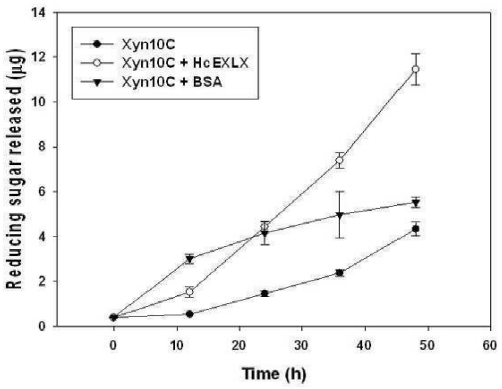
전체 청구항 수 : 총 18 항

(54) 자일라네이즈 및 익스팬신을 포함하는 자일란 분해 촉진용 조성물

(57) 요 약

본 발명은 자일라네이즈 및 익스팬신을 포함하는 자일란 분해 촉진용 조성물 및 그 조성물을 이용한 자일란으로부터 자일로오스 및/또는 자일로올리고사카라이드로 제조방법에 관한 것이다.

대 표 도 - 도6



특허청구의 범위

청구항 1

자일란을 분해하는 효소 및 익스팬신을 포함하는 자일란 분해 촉진용 조성물.

청구항 2

제 1항에 있어서, 상기 익스팬신은 미생물 유래 익스팬신인 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진용 조성물.

청구항 3

제2항에 있어서, 상기 미생물은 바실러스 서브틸리스, 하헬라 제주엔시스, 딕티오스텔리움 디스코이데움(*Dictyostelium discoideum*), 네오사르토리야 피쉐리(*Neosartorya fischeri*), 아스퍼질러스 푸미가투스(*Aspergillus fumigatus*), 아스퍼질러스 클라바투스(*Aspergillus clavatus*), 아스퍼질러스 오라이제(*Aspergillus oryzae*), 아스퍼질러스 테레우스(*Aspergillus terreus*), 페니실리움 크리소제눔(*Penicillium chrysogenum*), 아스퍼질러스 나이거(*Aspergillus niger*), 아스퍼질러스 니둘란스(*Aspergillus nidulans*), 마그나포르테 그리시아(*Magnaporthe grisea*), 피레노포라 트리티시-레펜티스(*Pyrenophora tritici-repentis*), 패오스파에리아 노도룸(*Phaeosphaeria nodorum*), 스클레로티니아 스클레로티오룸(*Sclerotinia sclerotiorum*), 프란키아 종(*Frankia sp*), 스트렙토마이시스 스비세우스(*Streptomyces sviceus*), 소란지움 셀룰로줌(*Sorangium cellulosum*), 스티그마 아우렌티아카(*Stigmatella aurantiaca*), 플레시오시스티스 나시피카(*Plesiocystis pacifica*), 믹소코쿠스 잔터스(*Myxococcus xanthus*), 렙토쓰릭스 콜로드니(*Leptothrix cholodnii*), 로제이플렉서스 종(*Roseiflexus sp*), 로제이플렉서스 카스텐홀지(*Roseiflexus castenholzii*), 클로로플렉서스 아우란티아쿠스(*Chloroflexus aurantiacus*), 헤르페토시폰 아우란티아쿠스(*Herpetosiphon aurantiacus*), 에시도보락스 아베네(*Acidovorax avenae subsp*), 펙토박테리움 아트로셉티쿰(*Pectobacterium atrosepticum*), 바실러스 리체니포미스(*Bacillus licheniformis*), 잔토모나스 캠페스트리스(*Xanthomonas campestris pv. campestris*), 바실러스 푸밀루스 (*Bacillus pumilus*), 잔토모나스 오라이제(*Xanthomonas oryzae pv. oryzae*), 랄스토니아 솔라나시아룸(*Ralstonia solanacearum*), 및 잘렐라 파스티디오사(*Xylella fastidiosa*)로 구성된 군으로부터 선택된 미생물인 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진용 조성물.

청구항 4

제1항 또는 제2항에 있어서, 상기 익스팬신은 서열번호 1 내지 서열번호 41에 기재된 군으로부터 선택된 아미노산 서열 중 하나를 가지는 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진용 조성물.

청구항 5

제 1항에 있어서, 상기 자일란을 분해하는 효소는 자일라네이즈인 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진용 조성물.

청구항 6

제 5항에 있어서, 상기 자일라네이즈는 서열번호 42에 기재된 아미노산 서열을 가지는 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진용 조성물.

청구항 7

자일란을 분해하는 효소 및 익스팬신을 자일란을 함유하는 샘플에 처리하는 것을 포함하는 자일란 분해 촉진 방법.

청구항 8

제 7항에 있어서, 상기 익스팬신은 미생물 유래 익스팬신인 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진 방법.

청구항 9

제 8항에 있어서, 상기 미생물은 바실러스 서브틸리스, 하헬라 제주엔시스, 딕티오스텔리움 디스코이데움(*Dictyostelium discoideum*), 네오사르토리야 피쉐리(*Neosartorya fischeri*), 아스퍼질러스 푸미가투스

(*Aspergillus fumigatus*), 아스퍼질러스 클라바투스(*Aspergillus clavatus*), 아스퍼질러스 오라이제(*Aspergillus oryzae*), 아스퍼질러스 테레우스(*Aspergillus terreus*), 페니실리움 크리소제눔(*Penicillium chrysogenum*), 아스퍼질러스 나이거(*Aspergillus niger*), 아스퍼질러스 니둘란스(*Aspergillus nidulans*), 마그나포르테 그리시아(*Magnaporthe grisea*), 피레노포라 트리티시-레펜티스(*Pyrenophora tritici-repentis*), 패오스파에리아 노도룸(*Phaeosphaeria nodorum*), 스클레로티니아 스클레로티오룸(*Sclerotinia sclerotiorum*), 프란키아 종(*Frankia sp*), 스트렙토마이시스 스비세우스(*Streptomyces sviceus*), 소란지움 셀룰로줌(*Sorangium cellulosum*), 스티그마 아우렌티아카(*Stigmatella aurantiaca*), 플레시오시스티스 나시피카(*Plesiocystis pacifica*), 믹소코쿠스 잔터스(*Myxococcus xanthus*), 렙토쓰릭스 콜로드니(*Leptothrix cholodnii*), 로제이플렉서스 종(*Roseiflexus sp*), 로제이플렉서스 카스텐홀지(*Roseiflexus castenholzii*), 클로로플렉서스 아우란티아쿠스(*Chloroflexus aurantiacus*), 헤르페토시폰 아우란티아쿠스(*Herpetosiphon aurantiacus*), 에시도보락스 아베네(*Acidovorax avenae subsp*), 펙토박테리움 아트로셉티쿰(*Pectobacterium atrosepticum*), 바실러스 리체니포미스(*Bacillus licheniformis*), 잔토모나스 캠페스트리스(*Xanthomonas campestris pv. campestris*), 바실러스 푸밀루스 (*Bacillus pumilus*), 잔토모나스 오라이제(*Xanthomonas oryzae pv. oryzae*), 랄스토니아 솔라나시아룸(*Ralstonia solanacearum*), 및 잘렐라 파스티디오사(*Xylella fastidiosa*)로 구성된 군으로부터 선택된 미생물인 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진 방법.

청구항 10

제 7항 또는 제 8항에 있어서, 상기 익스팬신은 서열번호 1 내지 서열번호 41에 기재된 군으로부터 선택된 아미노산 서열 중 하나를 가지는 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진 방법.

청구항 11

제 7항에 있어서, 상기 자일란을 분해하는 효소는 자일라네이즈인 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진 방법.

청구항 12

제 11항에 있어서, 상기 자일라네이즈는 서열번호 42에 기재된 아미노산 서열을 가지는 것을 특징으로 하는 자일란 분해 촉진 방법.

청구항 13

자일란을 분해하는 효소 및 익스팬신을 자일란에 처리하여 자일로오스 또는 자일로올리고당을 제조하는 방법.

청구항 14

제 13항에 있어서, 상기 익스팬신은 미생물 유래 익스팬신인 것을 특징으로 하는 자일로오스 또는 자일로올리고당을 제조하는 방법.

청구항 15

제 14항에 있어서, 상기 미생물은 바실러스 서브틸리스, 하헬라 제주엔시스, 딕티오스텔리움 디스코이데움(*Dictyostelium discoideum*), 네오사르토리야 피쉐리(*Neosartorya fischeri*), 아스퍼질러스 푸미가투스(*Aspergillus fumigatus*), 아스퍼질러스 클라바투스(*Aspergillus clavatus*), 아스퍼질러스 오라이제(*Aspergillus oryzae*), 아스퍼질러스 테레우스(*Aspergillus terreus*), 페니실리움 크리소제눔(*Penicillium chrysogenum*), 아스퍼질러스 나이거(*Aspergillus niger*), 아스퍼질러스 니둘란스(*Aspergillus nidulans*), 마그나포르테 그리시아(*Magnaporthe grisea*), 피레노포라 트리티시-레펜티스(*Pyrenophora tritici-repentis*), 패오스파에리아 노도룸(*Phaeosphaeria nodorum*), 스클레로티니아 스클레로티오룸(*Sclerotinia sclerotiorum*), 프란키아 종(*Frankia sp*), 스트렙토마이시스 스비세우스(*Streptomyces sviceus*), 소란지움 셀룰로줌(*Sorangium cellulosum*), 스티그마 아우렌티아카(*Stigmatella aurantiaca*), 플레시오시스티스 나시피카(*Plesiocystis pacifica*), 믹소코쿠스 잔터스(*Myxococcus xanthus*), 렙토쓰릭스 콜로드니(*Leptothrix cholodnii*), 로제이플렉서스 종(*Roseiflexus sp*), 로제이플렉서스 카스텐홀지(*Roseiflexus castenholzii*), 클로로플렉서스 아우란티아쿠스(*Chloroflexus aurantiacus*), 헤르페토시폰 아우란티아쿠스(*Herpetosiphon aurantiacus*), 에시도보락스 아베네(*Acidovorax avenae subsp*), 펙토박테리움 아트로셉티쿰(*Pectobacterium atrosepticum*), 바실러스 리체니포미스(*Bacillus licheniformis*), 잔토모나스 캠페스트리스(*Xanthomonas campestris pv. campestris*), 바실러스 푸밀루스 (*Bacillus pumilus*), 잔토모나스 오라이제(*Xanthomonas oryzae pv. oryzae*), 랄스토니아 솔라나시

아룸(*Ralstonia solanacearum*), 및 잘렐라 파스티디오사(*Xylella fastidiosa*)로 구성된 군으로부터 선택된 미생물인 것을 특징으로 하는 자일로오스 또는 자일로올리고당을 제조하는 방법.

청구항 16

제 13항 또는 제 14항에 있어서, 상기 익스팬신은 서열번호 1 내지 서열번호 41에 기재된 군으로부터 선택된 아미노산 서열 중 하나를 가지는 것을 특징으로 하는 자일로오스 또는 자일로올리고당을 제조하는 방법.

청구항 17

제 13항에 있어서, 상기 자일란을 분해하는 효소는 자일라네이즈인 것을 특징으로 하는 자일로오스 또는 자일로올리고당을 제조하는 방법.

청구항 18

제 17항에 있어서, 상기 자일라네이즈는 서열번호 42에 기재된 아미노산 서열을 가지는 것을 특징으로 하는 자일로오스 또는 자일로올리고당을 제조하는 방법.

명 세 서

발명의 상세한 설명

기 술 분 야

[0001] 본 발명은 자일라네이즈 및 익스팬신을 포함하는 자일란 분해 촉진용 조성물 및 그 조성물을 이용한 자일란으로부터 자일로오스 및/또는 자일로올리고사카라이드로 제조방법에 관한 것이다.

배 경 기 술

[0002] 일반적으로 리그노셀룰로스(lignocellulose)는 지구상에서 가장 풍부한 재생가능한 생물자원으로서 주로 식물체를 구성하는 주성분이다(Reddy N, Yang Y. 2005. Trends in Biotechnology 23(1):22-27; Sierra R, Smith A, Granda C, Holtzapple MT. 2008 Chemical engineering process Magazine:S10-S18; Zhang YHP. 2008. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology 35(5):367-375;Zhang YHP, Lynd LR. 2004. Biotechnology and Bioengineering 88(7):797-824).

[0003] 리그노셀룰로스는 탄수화물인 셀룰로오스(cellulose)와 헤미셀룰로스(hemicellulose), 방향족 화합물의 중합체인 리그닌(lignin) 등이 주성분으로 구성되어 있다(Reddy N, Yang Y. 2005. Trends in Biotechnology 23(1):22-27;Stocker M. 2008. Angewandte Chemie-International Edition 47(48):9200-9211;Zhang YHP. 2008. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology 35(5):367-375). 셀룰로오스를 셀룰라제로 가수분해하면 미생물에 의해 발효가 잘 되는 글루코스를 얻을 수 있기 때문에 리그노셀룰로스는 글루코스를 얻어 에탄올과 같은 바이오연료를 생산할 수 있는 원료가 될 수 있다 (McKendry P. 2002. Bioresource Technology 83(1):PII S0960-8524(01)00118-3; Stocker M. 2008. Angewandte Chemie-International Edition 47(48):9200-9211;Zhang YHP. 2008. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology 35(5):367-375). 또 다른 탄수화물인 헤미셀룰로스는 자일로스(xylose), 아라비노스(arabinose), 갈락토스(galactose), 맨노스(mannose), 글리코오스 등의 다양한 당으로 구성된 다당류인데 이 중에서도 자일로스가 가장 많이 존재하며, 자일란이 주된 중합체로 알려져 있다 (Krull LH, Inglett GE. 1980. Journal of Agricultural and Food Chemistry 28(5):917-919; Ren JL, Peng F, Sun RC. 2008. Carbohydrate Research 343(16):2776-2782; Saha BC, Bothast RJ, editors. 1999. Enzymology of xylan degradation. Washington: American Chemical Society. 167-194 p.).

[0004] 최근 지구 온난화뿐 아니라 한정된 원유 자원과 그에 따른 유가 급등에 따라 전 세계적으로 새로운 대체 에너지의 개발이 요구되고 있다. 이에 따라 재생가능한 식물자원으로부터 생산할 수 있는 바이오 에탄올 및 바이오연료가 크게 각광을 받고 있다(Lynd LR, Laser MS, Brandsby D, Dale BE, Davison B, Hamilton R, Himmel M, Keller M, McMillan JD, Sheehan J and others. 2008.Nature Biotechnology 26(2):169-172). 수송용 연료로서의 바이오에탄올은 현재 브라질에서는 사탕수수와 같은 당질계 자원으로부터, 미국에서는 옥수수와 같은 전분질계 자원으로부터 글루코스를 얻어 효모를 이용하여 발효하여 생산되고 있다 (Cassman KG, Liska AJ. 2007.

Biofuels Bioproducts & Biorefining-Biofpr 1(1):18-23; Mabee WE. 2007. Biofuels 108:329-357).

[0005] 그러나 이들 당질 및 전분질계 자원은 식량자원으로서 연관되어 장기적인 관점에서 볼 때에 원료 수급에 문제를 갖고 있어 식량자원이 아닌 리그노셀룰로스 즉 농림산 부산물을 이용하고자 연구가 이루어지고 있다 (Bak JS, Ko JK, Han YH, Lee BC, Choi IG, Kim KH. 2009. Bioresource Technology 100(3):1285-1290; Purwadi R, Brandberg T, Taherzadeh MJ. 2007. International Journal of Molecular Sciences 8:920-932; Sakai S, Tsuchida Y, Okino S, Ichihashi O, Kawaguchi H, Watanabe T, Inui M, Yukawa H. 2007. Applied and Environmental Microbiology 73(7):2349-2353;Zaldivar J, Nielsen J, Olsson L. 2001. Applied Microbiology and Biotechnology 56(1-2):17-34).

[0006] 리그노셀룰로스로 구성된 목질계 및 초본계는 각기 설탕이나 전분으로 구성된 당질계 및 전분질계의 구조와 달리 글루코오스의 급원인 셀룰로오스가 헤미셀룰로오스 및 리그닌으로 보호받는 구조로 구성되어 있고 베타-1,4 결합으로 이어진 셀룰로스 자체도 전분보다 단단한 구조를 가지고 있어 일반적으로 셀룰라제를 통한 효소적 당화율도 이론적 글루코스 수율의 20% 정도 밖에 되지 않는다 (Kim KH, Hong J. 2001. Bioresource Technology 77(2):139-144; Ko JK, Bak JS, Jung MW, Lee HJ, Kim KH. 2009. Bioresource Technology In press.; Koullas DP, Christakopoulos PKD, Macris BJ, Koukios EG. 1992. Biotechnology and Bioengineering 39:113-116). 이러한 점 때문에 반드시 물리화학적 전처리를 거쳐야 하고 전처리된 리그노셀룰로스도 많은 양의 셀룰라제를 필요로 한다 (Bak JS, Ko JK, Han YH, Lee BC, Choi IG, Kim KH. 2009. Bioresource Technology 100(3):1285-1290; Kim KH, Hong J. 2001. Bioresource Technology 77(2):139-144; Lynd LR, Laser MS, Brandsby D, Dale BE, Davison B, Hamilton R, Himmel M, Keller M, McMillan JD, Sheehan J and others. 2008. Nature Biotechnology 26(2):169-172).

[0007] 따라서 바이오에탄올 생산공정의 경제성을 높이거나 경제적인 당화를 위해서는 소요되는 셀룰라제의 양을 줄이기 위해 단위 단백질 당 셀룰라제 자체의 활성을 높이거나 헤미셀룰로스의 주된 다당류인 자일란의 분해를 통해 셀룰로스에 대한 효소의 접근성을 높이기 위해 보조 효소로 자일라네이즈를 첨가하여 셀룰라제의 소요량을 줄이기 위한 연구가 진행되고 있다 (Berlin A, Maximenko V, Gilkes N, Saddler J. 2007. Biotechnology and Bioengineering 97(2):287-296; Lopez MJ, Vargas-Garcia MD, Suarez-Estrella F, Nichols NN, Dien BS, Moreno J. 2007. Enzyme and Microbial Technology 40(4):794-800; Merino ST, Cherry J. 2007. Progress and challenges in enzyme development for Biomass utilization. Biofuels 108:95-120).

[0008] 리그노셀룰로스로부터 바이오에탄올을 위해서는 헤미셀룰로스에 포함된 자일란의 가수분해로부터 생성되는 자일로스도 발효에 이용하는 것이 유리하다. 이를 위해 알코올로 발효하여 에탄올 수율을 상승시켜 그에 따라 경제성을 향상시키는 연구가 많이 진행되고 있으며 (Ferrari MD, Neirotti E, Albornoz C, Saucedo E. 1992. Biotechnology and Bioengineering 40(7):753-759; Kumar A, Singh LK, Ghosh S. 2009. Bioresource Technology 100(13):3293-3297) 그 중간 산물인 자일리톨의 생산하는 것에 관한 연구가 활발하다 (Choi J-H, Moon K-H, Ryu Y-W, Seo JH. 2000. Biotechnology Letters 22:1625-1628; Latif F, Rajoka MI. 2001. Bioresource Technology 77(1):57-63; Parajo JC, Dominguez H, Dominguez JM. 1997. Xylitol production from Eucalyptus wood hydrolysates extracted with organic solvents. Process Biochemistry 32(7):599-604).

[0009] 그리고 제지산업에서는 펄핑(pulping) 과정에서(Ates S, Atik C, Ni YH, Gumuskaya E. 2008. Turkish Journal of Agriculture and Forestry 32(6):561-570; Whitmire D, Maiti B. 2002. Chemical Engineering Communications 189(5):608-622), 또는 섬유산업에서 삼베나 린넨의 연화 과정에서 자일라네이즈가 사용되고 있다(Csiszar E, Urbanszki K, Szakacs G. 2001. Journal of Molecular Catalysis B-Enzymatic 11(4-6):1065-1072; Polizeli M, Rizzatti ACS, Monti R, Terenzi HF, Jorge JA, Amorim DS. 2005. Applied Microbiology and Biotechnology 67(5):577-591).

[0010] 자일란이 가수분해되어 생성되는 자일로올리고당(xylooligosaccharide)은 다른 올리고당보다 열이나 산에 대해 안정하고 가수분해 활성저하 효과를 가지고 있어서 식품의 부패방지 및 보존효과를 가지고 있으므로 여러 가지 식품의 가공에 널리 이용되고 있는데(Parajo JC, Garrote G, Cruz JM, Dominguez H. 2004. Trends in Food Science & Technology 15(3-4):115-120) 앞서서 자일리톨을 예로 들었듯이, 자일라네이즈를 이러한 공정에 적용하기도 한다(Beg QK, Kapoor M, Mahajan L, Hoondal GS. 2001. Applied Microbiology and Biotechnology 56(3-4):326-338; Yang CH, Yang SF, Liu WH. 2007. Journal of Agricultural and Food Chemistry 55(10):3955-3959). 특히 알려진 기능성 올리고당 중 모든 면에서 자일로 올리고당이 가장 우수하다는 것이 알

려져 있으며 고가에 거래되고 있다 (Gibson GR, Probert HM, Van Loo J, Rastall RA, Roberfroid MB. 2004. Nutrition Research Reviews 17(2):259-275; Gullon P, Moura P, Esteves MP, Gtrio FM, Dominguez H, Parajo JC. 2008. Journal of Agricultural and Food Chemistry 56(16):7482-7487).

[0011] 자일란은 식물 세포벽을 이루는 중합체인 셀룰로오스와 리그닌과 공유 혹은 비공유결합으로 연결되어 있어 식물마다 그 함량은 다르지만 적게는 7-12%부터 많게는 15-30%의 함량을 지닌다 (Haltrich D, Nidetzky B, Kulbe KD, Steiner W, 1996. Bioresource Technology 58(2):137-161). 이렇듯 자일란은 다른 중합체와 연결하여 있는 형태이기 때문에 물질마다 다양한 상태로 존재한다. 경질목(hardwood)을 구성하는 헤미셀룰로오스의 70-80%를 구성하며 4-오-메틸 알파 디 글루쿠로노피라노실(4-O-methyl-α-D-glucuronopyranosyl)를 기본체로 갖는 오-아세틸-4-오-메틸글루쿠로노자일란의 경우, D-글루쿠로노실 단위는 4번째 곳이 메틸화 되어 2나 3의 베타 디 자일로피라노실기(β-D-xylopyranosyl)와 연결되며 이들 중 일부는 물에 용해성을 가진다 (Coughlan MP, Hazlewood GP. 1993. Biotechnology and Applied Biochemistry 17:259-289).

[0012] 글루쿠로노아라비노자일란 (Glucuronoarabionoxylans)은 연질목에 4-오-메틸 알파 디 글루쿠로노피라노실(4-O-methyl-α-D-glucuronopyranosyl)기로 동일한 위와 기본체를 가지나 십 베타-디-자일로피라노실 단위 (ten β-D-xylopyranosyl)에 알파-엘-아라비노푸라노실(α-L-arabinofuranosyl)이 달린 형태이다. 이들은 경질목의 자일란처럼 아세틸화 되어있지는 않은데 푸라노사이드 구조 때문에 이미 산성화되어 있기 때문이다. 대표적인 이 둘을 자일란이라고 일컫고 있다.

[0013] 자일란의 가수분해는 도 1에서 볼 수 있듯이 엔도-1,4-베타-자일라네이즈(endo-β-1,4-xylanase (EC 3.2.1.8)), 베타 디 자일로니데이즈(β-D-xylosidase (EC.3.2.1.37. exo-xylanase)), 알파 글루쿠로니데이즈(α-glucuronidase), 알파 엘 아라비노푸라노시데이즈 (α-L-arabino furanosidase), 아세틸 자일란 에스터레이즈(acetyl xylan esterase) 등 여러 종류의 자일라네이즈들의 상호작용으로 이루어진다 (Polizeli M, Rizzatti ACS, Monti R, Terenzi HF, Jorge JA, Amorim DS. 2005. Applied Microbiology and Biotechnology 67(5):577-591). 위에서 언급한 것처럼 각각의 기질에 작용하는 자일라네이즈의 형태가 다른 것이 특징이다. 엔도-1, 4-베타-자일라네이즈는 위에 언급한 자일라네이즈 중에서 가장 주요한 기능을 갖는다. 이 효소는 자일란의 본체와 결합된 글리코실기 부분을 잘라낸다. 이 경우 베타-디-자일로피라노실 중합체 (β-D-xylopyranosyl oligomer)를 우선적으로 주로 끊으며 시간이 지남에 따라 작은 입자들 (단당체, 이당체)도 분해하는 특성을 가진다 (Li KC, Azadi P, Collins R, Tolan J, Kim JS, Eriksson KEL. 2000. Enzyme and Microbial Technology 27(1-2):89-94). 한편, 베타-디-자일로시데이즈는 자일란을 직접 분해하지는 못하고 자일로바이오스나 그들이 잘 붙는 자일로중합체를 분해한다 (P. Biely, 등. 1997. Journal of Biotechnology 57(1-3):151-166). 아세틸 자일란 에스터레이즈는 최근에 밝혀진 효소이며 다른 자일라네이즈의 활동을 방해하는 아세틸기를 잘라줌으로 분해가 용이하게 하는 것이 특징이다 (Caufrier F, Martinou A, Dupont C, Bouriotis V. 2003. Carbohydrate Research 338(7):687-692). 아라비네이즈는 엘-아라비노오스를 잘라 내며 (de Vries et al. 2000), 알파-글루쿠로니데이즈는 글루쿠론산을 잘라낸다 (Tenkanen M, Siika-aho M. 2000. Journal of Biotechnology 78(2):149-161).

[0014] 셀룰로스의 가수분해시 사용되는 셀룰라제의 소요량을 줄이기 위한 방법으로는 엔도글루카네이즈와 자일라네이즈 또는 셀로바이에이즈의 첨가에 따른 상승효과 (Berlin A, Gilkes N, Kilburn D, Bura R, Markov A, Skomarovsky A, Okunev O, Gusakov A, Maximenko V, Gregg D and others. 2005. Enzyme and Microbial Technology 37(2):175-184; Paul. and Varma 1990) 등의 셀룰라제 및 헤미셀룰라제 관련 효소의 혼합 최적화나 첨가에 의한 방법들 연구가 되어 있다.

[0015] 식물 익스팬신은 식물세포벽에 흡착하고 작용하여 환원당을 생성시키는 작용은 하지 않지만 아마도 셀룰로스 간의 수소결합을 절단시켜 세포벽의 조직의 유연성을 늘리고 이에 따라 셀룰라제의 접근성을 높여 셀룰라제와 같이 작용시킬 경우 셀룰라제의 활성을 증진시키는 것으로 추측된다 (Kim ES, Lee HJ, Bang WG, Choi IG, Kim KH. 2009. Biotechnology and Bioengineering 102(5):1342-1353) 식물 단백질인 익스팬신은 크게 알파-익스팬신(EXPA)와 베타-익스팬신(EXPB)로 나뉘고 알파-익스팬신은 주로 쌍떡잎 식물의 세포벽에, 베타-익스팬신은 초본류의 세포벽에 잘 작용하고 베타-익스팬신의 경우 셀룰로스보다는 자일란에 흡착하는 것으로 알려져 있다.

[0016] 현재까지 식물 이외의 다른 숙주에서는 익스팬신 단백질이 활성이 있는 형태로 발현이 보고가 되지 않았으니 옥수수의 베타-익스팬신(EXPB)의 구조와 구조적 상동성을 가지는 단백질이 바실러스 서브틸리스(*Bacillus subtilis*)에서 발견이 되었고 익스팬신의 명명법에 따라(Kende et al. 2004) BsEXLX1 이라 명명되었다. BsEXLX1 단백질을 코딩하는 유전자인 YoaJ를 *E. coli*에 클로닝하여 과발현시켜 얻은 재조합 BsEXLX1은 셀룰로스

의 조직을 연화시키고 셀룰로스에 흡착하고 셀룰라제와 함께 셀룰로스의 가수분해시 작용시켰을 때 환원당 생성이 같은 조건의 익스팬신을 넣지 않고 셀룰라제만 넣은 비교구에 비해 최고 5.7배 높게 생성되는 것으로 나타났다 (Kim ES, Lee HJ, Bang WG, Choi IG, Kim KH. 2009. Biotechnology and Bioengineering 102(5):1342-1353).

발명의 내용

해결 하고자하는 과제

[0017] 본 발명은 상기의 문제점을 해결하고, 상기의 필요성에 의하여 안출된 것으로서 본 발명의 목적은 자일란을 가수분해하여 자일로올리고당이나 자일로스를 생성하는 자일라네이즈의 효소활성에 대한 상승작용을 나타내는 조성물을 제공하는 것이다.

[0018] 본 발명의 또 다른 목적은 자일란을 가수분해하여 자일로올리고당이나 자일로스를 생성하는 자일라네이즈의 효소활성에 대한 상승작용을 나타내는 방법을 제공하는 것이다.

과제 해결수단

[0019] 상기의 목적을 달성하기 위하여 본 발명은 자일란을 분해하는 효소 및 익스팬신을 포함하는 자일란 분해 촉진용 조성물을 제공한다.

[0020] 본 발명의 바람직한 실시예에 있어서, 상기 익스팬신은 진균 또는 세균과 같은 미생물, 또는 식물로부터 유래하는 것이 가능하나, 미생물 유래 익스팬신인 것이 바람직하고,

[0021] 상기 미생물은 바실러스 서브틸리스, 하헬라 제주엔시스,딕티오스텔리움 디스코이데움(*Dictyostelium discoideum*), 네오사르토리야 피쉐리(*Neosartorya fischeri*), 아스퍼질러스 푸미가투스(*Aspergillus fumigatus*), 아스퍼질러스 클라바투스(*Aspergillus clavatus*), 아스퍼질러스 오라이제(*Aspergillus oryzae*), 아스퍼질러스 테레우스(*Aspergillus terreus*), 페니실리움 크리소제눔(*Penicillium chrysogenum*), 아스퍼질러스 나이거(*Aspergillus niger*), 아스퍼질러스 니둘란스(*Aspergillus nidulans*), 마그나포르테 그리시아(*Magnaporthe grisea*), 피레노포라 트리티시-레펜티스(*Pyrenophora tritici-repentis*), 패오스파에리아 노도룸(*Phaeosphaeria nodorum*), 스클레로티니아 스클레로티오룸(*Sclerotinia sclerotiorum*), 프란키아 종(*Frankia sp*), 스트렙토마이시스 스비세우스(*Streptomyces sviceus*), 소란지움 셀룰로줌(*Sorangium cellulosum*), 스티그마 아우렌티아카(*Stigmatella aurantiaca*), 플레시오시스티스 나시피카(*Plesiocystis pacifica*), 믹소코쿠스 잔터스(*Myxococcus xanthus*), 렙토쓰릭스 콜로드니(*Leptothrix cholodnii*), 로제이플렉서스 종(*Roseiflexus sp*), 로제이플렉서스 카스텐홀지(*Roseiflexus castenholzii*), 클로로플렉서스 아우란티아쿠스(*Chloroflexus aurantiacus*), 헤르페토시폰 아우란티아쿠스(*Herpetosiphon aurantiacus*), 에시도보락스 아베네(*Acidovorax avenae subsp*), 펙토박테리움 아트로셉티쿰(*Pectobacterium atrosepticum*), 바실러스 리체니포미스(*Bacillus licheniformis*), 잔토모나스 캠페스트리스(*Xanthomonas campestris pv. campestris*), 바실러스 푸밀루스 (*Bacillus pumilus*), 잔토모나스 오라이제(*Xanthomonas oryzae pv. oryzae*), 랄스토니아 솔라나시아룸(*Ralstonia solanacearum*), 잘렐라 파스티디오사(*Xylella fastidiosa*)것이 더욱 바람직하나 이에 한정되지 아니한다.

[0022] 본 발명의 바람직한 구체예에 있어서, 상기 익스팬신은 서열번호 1 내지 서열번호 41에 기재된 군으로부터 선택된 하나의 아미노산 서열 또는 본 발명의 단백질은 서열번호 1 내지 41의 단백질 뿐 아니라 이들 단백질에 하나 이상의 치환, 결손, 역위, 전위 등과 같은 돌연변이를 통하여 본 발명의 목적인 자일란 분해 촉진 활성을 가지는 모든 변이 단백질을 포함한다. 본 발명의 익스팬신 단백질은 모두 본 발명의 실시예에서 사용된 서열번호 30에 기재된 것 하헬라 제주엔시스로부터 유래한 익스팬신(EXLX1)과 아미노산 서열 상동성을 60% 이상 가지고 있으며, Motif aligment는 상기 41개의 서열 상동성을 가지는 단백질을 찾은 다음에 익스팬신으로서의 모티프를 비교한 것이다.

[0023] 좀 더 구체적으로 설명하면, BsEXPX1 (Bacillus expansin homolog)를 사용하여, Uniprot DB(curated 된 단백질 데이터베이스)를 검색하여 66개의 단백질 서열을 획득하였다 (이 때, cutoff threshold E-value<0.001).

[0024] 이들 단백질서열중에서 redundancy를 제거하기 위해 cd-hit이라는 프로그 램을 사용하여, 90%이상의 서열

identity를 갖는 단백질을 제거하여(대표서열 만 남겨두고) 총 48개의 서열을 얻었다.

[0025] 얻어진 48개의 서열중 같은 종에서 유래된 서열을 제거하여 총 41개의 서 열을 얻었다.

[0026] 본 발명에서 사용된 cutoff에 대한 기준은 일종의 확률에 기반하는 것이므로 절 대적으로 정해진 것은 없고 일반적으로 0.001정도면 유의성이 있는것으로 간주된다(즉 데이터검색을 통해 얻어진 1000개의 서열중 진짜 homolog가 아닌 경우가 1개일때 0.001). 이에 대한 자세한 내용은 참고 site로는 http://www.jcsg.org/psat/help/document.html

[0027] 이고 상기 사이트의 상단을 보면 'homologous protein sequences'를 얻기 위해 E-value cutoff = 0.001로 했다고 기재되어 있다.

[0028] 본 발명의 일 구체예에 있어서, 상기 "자일란을 분해하는 효소"란 분지형 자일란 및 자일로올리고당을 포함하는 자일안의 탄수화물 골격의 다양한 위치 중 하나 이상에서 자일안의 절단을 촉매하는 능력을 가지는 미생물, 또는 식물 유래 단백질 또는 단백질의 폴레펩타이드 도메인 또는 폴리펩타이드를 의미한다. 특정 조건 하에서 자일란 분해효소는 또한 더 작은 단위로부터 자일란 또는 자일로올리고당과 같은 당의 합성을 촉매할 수 있다. 이들 자일란 가수분해 효소의 예로는 자일라나제(1,4-β-자일란 자일라노하이드로라제; EC 3.2.18) 및 β-자일로시다제(1,4-β-자일란 자일로하이드로라제; EC 3.2.1.37)가 있으며, 측쇄-분해 효소(side chaincleaving enzyme)로서 α-L-아라비노퓨라노시다제(EC 3.2.1. 55), α-글루쿠로니다제(EC 3.2.1.139) 및 아세틸자일란 에스터라제(EC 3.1.1.72)가 있으나, 이들에 한정되지 아니하며, 상기 자일란을 분해하는 효소는 자일라네이즈인 것이 더욱 바람직하나 이에 한정되지 아니한다.

[0029] 본 발명의 일 구체예에 있어서, 상기 자일라네이즈는 서열번호 42에 기재된 아미노산 서열의 효소 단백질 뿐 아니라 이들 단백질에 하나 이상의 치환, 결손, 역위, 전위 등과 같은 돌연변이를 통하여 본 발명의 목적인 자일란 분해 활성을 가지는 모든 변이 단백질을 포함한다.

[0030] 본 발명의 익스팬신 또는 자일란을 분해하는 효소 단백질은 분리하거나 정제될 수 있다. 그러한 분리 또는 정제는 전체 세포, 세포찌꺼기, 외래 단백질 또는 최종 조성물에서 원하지 않는 단백질을 제거하기 위하여 당업계에 인지된 분리기술 예를 들어 이온 교환크로마토그래피, 친화성 크로마토그래피, 소수성 분리, 투석, 프로테이즈 처리, 황산 암모늄 침천, 크기 비제 크로마토그래피, 여과, 겔 전기영동 또는 구배상의 분리에 의하여 성취될 수 있다.

[0031] 본 발명의 조성물은 본 발명의 목적하는 활성을 향상시키기 위하여 예를 들어 활성화제, 항저해제, 바람직한 이온, pH를 조절하는 화합물 또는 다른 효소 등을 포함할 수 있다.

[0032] 또한 본 발명은 자일란을 분해하는 효소 및 익스팬신을 자일란을 함유하는 샘플에 처리하는 것을 포함하는 자일란 분해 촉진 방법을 제공한다.

[0033] 또한 본 발명은 자일란을 분해하는 효소 및 익스팬신을 자일란에 처리하여 자일로오스 또는 자일로올리고당을 제조하는 방법을 제공한다.

[0034] 본 발명의 조성물은 일반적인 제형기를 사용하여 적당한 크기의 분말, 펠렛 또는 과립 등의 다양한 형태로 제형화 될 수 있다. 상기에서 제형화된 본 발명의 조성물은 그대로 사용되거나 또는 실온에서 풍건하거나 동결건조 등으로 건조시켜 사용할 수 있다.

[0035] 본 발명의 조성물에 의해 가수분해 될 수 있는 대상의 구체적인 예로는 식물의 줄기, 잎, 짚, 속대, 겨, 손상된 곡류, 과일, 야채류 등과 가공 후의 껍질, 종자, 잎, 송이, 껍질, 착즙박 등이 포함된다. 보다 구체적으로 예를 들면, 한정되지는 않으나 옥수수 외피(corn hull), 옥수수 속대(corn cop),사탕수수 착즙박(sugarcane bagasse), 볏짚(rice straw) 쌀겨(rice husk) 및 미강(rice bran) 등이 있다. 상기 대상물을 본 발명의 조성물로 가수분해함으로써 다양한 당류로 전환시킬 수 있다. 따라서 환경오염을 방지하면서 이들 농업 잔존물을 재활용할 수 있는 장점이 있다.

[0036] 또한, 본 발명의 조성물에 의해 가수분해 될 수 있는 크라프트 펄프의 예로는 이에 한정되지는 않으나 사탕수수 착즙박 펄프, 유칼리투스 펄프 및 소나무 펄프 등이 있다. 상기 크라프트 펄프를 본 발명의 조성물로 가수분해함으로써 크라프트 펄프 내 자일란의 함량을 감소시켜 펄프의 광도와 표백도를 향상시킬 수 있다.

[0037] 이하 본 발명을 설명한다.

[0038] 본 발명에서는 이러한 세균 유래 익스팬신이 셀룰로스와 함께 식물세포벽을 구성하는 다당류인 자일란의 자일라네이즈에 의한 효소적 가수분해에도 상승효과를 나타내는 것에 대한 것이다.

[0039] 자일란은 자연계에 존재하는 목질계 바이오매스나 및 해조류 등에 방대한 양이 존재하지만 물에 불용성인 중합체로 존재하여 가수분해를 위해 효소를 작용시킬 경우에도 높은 수율을 얻기가 어렵다. 따라서 세균 유래 익스팬신을 자일란 분해효소인 자일라네이즈와 같이 자일란에 적용하여 수율을 상승시키고자 하였다.

[0040] 세균성 익스팬신 단백질을 이용하여 자일란을 가수분해하여 자일로올리고당이나 자일로스를 생성하는 자일라네이즈의 효소활성에 대한 상승작용에 대한 기술을 개발하였다. 이러한 자일라네지즈가 사용되는 다양한 분야 즉, 바이오연료, 펄프 및 제지, 기능성 당류 생산, 동물 사료 등의 분야에 첨가제로 이용되어 자일라네이즈 활성의 증대를 도모하는 목적으로 이용될 수 있다.

[0041] 본 발명에서는 하헬라 제주엔시스(*Hahella chejuensis*) 세균에서 유래한 익스팬신의 한 종류인 HcEXLX를 이용하여 다음과 같이 HcEXLX의 단백질로서의 특성과 자일라네이즈와의 자일란 가수분해에 대한 상승효과를 처음으로 규명하였다.

효 과

[0042] 상기에서 전술한 바와 같이 세균 유래의 익스팬신이라는 전혀 새로운 단백질을 이용하여 자일란의 효소적 가수분해에 대한 상승효과를 확인한 것은 본 발명이 처음이다. 아울러 이 기술을 응용하면 고가의 올리고당인 자일로올리고당의 생성을 열을 가하여 온도를 맞추지 않고도 빠르게 얻을 수 있기 때문에 경제적 부가가치가 높다. 제지산업에서는 펄핑(pulping) 과정에서, 섬유산업에서는 삼베나 린넨의 연화 과정에서 자일라네이즈가 사용되고 있어 이들 공정에서 익스팬신을 자일라네이즈와 같이 사용할 경우 효과 증대와 자일라네이즈 효소 사용량의 절감을 기대할 수 있다. 또한 바이오매스 폐자원 처리를 위한 신규 효소자원의 발굴, 응용기술 및 대량생산기술의 개발의 일종인 본 발명은 국내에서 바이오에너지의 실용화를 현실화시킬 수 있을 것으로 생각되며, 이를 통하여 곧 도래할 기후협약에 따른 국가별 이산화탄소 발생 쿼터제에 적극적으로 대비하고 석유를 포함한 화석연료 사용에 대한 의존도를 크게 낮출 수 있을 것이다. 또 리그노셀룰로스에 함유된 자일란으로부터 자일로스로의 효소적 가수분해에 이용함으로써 자일로스로부터 에탄올이나 자일리톨과 같은 제품 생산에 이용할 수도 있으며, 사료산업에서 첨가제로 사용하여 자일란의 장내 분해를 증진할 수 있다.

발명의 실시를 위한 구체적인 내용

[0043] 이하, 비한정적인 실시예를 통하여 본 발명을 더욱 상세하게 설명한다. 단 하기 실시예는 본 발명을 설명하기 위한 목적으로 기재된 것으로서 본 발명의 범위흔 하기 실시예에 의하여 제한되지 아니한다.

[0044] 실시예 1: 클로닝, 발현 및 단백질 정제

[0045] 본 발명자들이 선택한 방법은 식물세포벽확장단백질인 익스팬신을 식물유래와 세균유래의 염기서열을 다중서열분석법(Multiple alignment)으로 정렬하여 제주도에서 유래한 균주인 하헬라 제주엔시스(*Hahella chejuensis*)(KCTC 2396)로부터 동일한 모티브를 갖는 것을 확인하였다. 이에 클로닝을 하였다.

[0046] 도 2에 표시한 바와 같이 BsEXLX1가 셀룰로오스에 활성을 갖는 바실러스 유래 단백질이며 맨 아래가 원래의 식물 익스팬신을 대표하는 익스팬신 베타 타입의 단백질이다. 마지막으로 맨 위에 표시되어 있는 것이 본 발명에서 발견하여 클로닝한 하헬라 제준시스에서 유래한 익스팬신 유사단백질(HcEXLX)이다. 본 발명자들은 이 서열을 통한 클로닝을 위하여 다음과 같이 시행하였다.

[0047] 변형된 PET21a 벡터에 버클리 유전체연구소의 고유의 방법(H.Yokota. 2009. Manual LIC. Berkeley: Berkeley Structure Genomic Center)을 가지고 앞서 선별한 하헬라 제준시스의 특정 유사 부분을 클로닝하였으며 신호서열(signal peptide)로 인한 과발현의 역효과를 막고자 신호서열의 가능성을 갖는 부분(1-23번째 펩타이드)을 배제하여 프라이머를 제작하였다. 유전자의 말단에는 6개의 히스티딘 꼬리를 붙여 후에 분리정제가 용이하게 디자인하였다. 우리가 사용한 프라이머의 서열은 다음과 같다.

[0048] Hch-N, 5' gaaaatcgagtttctgcgactc -3'(서열번호 43)

[0049] Hch-C, 5' tttgtctgcctgattaataacgcc -3'(서열번호 44)

[0050] DNA 폴리머레이즈 연쇄반응 (PCR)을 통해 얻은 산물을 통해 플라스미드를 얻어내었다. 재조합 단백질은 대장균 BL21(DE3)에 발현실험을 하였고 이를 통해 16℃, 0.5mM IPTG에서 수용성 단백질이 발현되는 것을 확인하였다. 대량으로 수확하기 위해 같은 조건에서 대장균을 16시간 키워 얻은 후 이를 원심분리로 세포만 얻은 후 분해용액(20 mM Tris-Cl, pH 8.03)에서 분쇄하여 단백질들을 얻었다. 이를 히스티틴 컬럼(GE Healthcare, USA)을 통해 LP 시스템 (Bio-Rad, USA)에서 분리정제 한 후 SDS 젤로 확인하였다(도 3).

[0051] 도 3에서 보는 것과 같이 과발현에 성공하여 높은 순도로 획득한 이 단백질을 Desalting column (HP)으로 염을 제거하였고 명칭은 익스팬신 명명법(Kende H, Bradford KJ, Brummell DA, Cho HT, Cosgrove DJ, Fleming AJ, Gehring C, Lee Y, McQueen-Mason S, Rose JKC and others. 2004. Plant Molecular Biology 55(3):311-314)에 따라 HcEXLX라고 하였다.

[0052] 실시예 2: EXLX1의 특성규명

[0053] 명명된 단백질인 HcEXLX의 모티브가 식물 익스팬신 베타 타입과 유사하므로 그와 같은 기능을 하는지 알아보기 전에 우선 단백질의 안정성 정도를 실험하였다. 도 4은 구연산 나트륨(sodium citrate)를 버퍼로 사용하여 각기 pH를 달리하여 1시간 동안 30℃에서 방치한 후 수용성 단백질 절대량의 변화를 나타낸 것이다. 이 단백질을 분리정제할 때 사용한 버퍼가 20 mM Tris-cl (pH 8.03)이었다. 때문에 이론적 pI값인 5.4에 가까워 질수록 침전현상이 발생하였다. 다시 말해, pH 6.0까지 어느 정도 완만한 곡선을 보이다가 pH 5.0에서 상당히 줄어드는 것처럼 보인다. 이는 pH 6.0에서 5.0으로 환경이 변할 때 pI값을 거쳐가기 때문으로 추정할 수 있다. 하지만, 도 4의 그림은 이 차이부분을 부각하여 그린 것이고 실질적으로 pH 5.0에서도 80%의 단백질이 수용성으로 존재하는 것을 수치상으로 볼 수 있기 때문에 산업적인 pH 이용가능 범위는 넓다고 할 수 있다. 도 5의 경우는 온도를 달리하여 같은 실험방법으로 단백질의 안정성의 변화를 측정한 것이다. 이를 살펴보면 30℃ 이하까지는 일정하게 유지되다가 온도가 상승함에 따라 침전이 급격하게 일어나는 것을 볼 수 있다. 가파른 곡선이 끝난 점인 50℃의 경우 원래의 양의 약 60%정도가 침전된 것을 확인할 수 있다. 이는 HcEXLX의 유전자가 해양미생물에 기인한 것으로 해석할 수 있다. 해양미생물의 서식환경인 해수의 온도가 30℃ 이상 상승할 일이 없기 때문에 열안정성을 가질 필요가 없었을 것이고 때문에 이러한 특성을 나타낸 것이라 추정할 수 있다.

[0054] 결국 pH의 변화보다 온도의 변화에 민감하기에 이 단백질을 효과는 상대적으로 저온에서 가장 높을 것으로 예상하였다. 보통의 효소가 열에너지를 사용해야 하는 비용적 부담이 없다는 것이 이 단백질의 산업적 이용가치 중 하나가 되었다.

[0055] 실시예 3: 자일란 가수분해에서의 EXLX1의 자일라네이즈와의 상승효과

[0056] 익스팬신 베타 타입이 자일란에 잘 붙는 사실 (Yennawar NH, Li LC, Dudzinski DM, Tabuchi A, Cosgrove DJ. 2006. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 103(40):14664-14671)에 따라 이를 자일라네이즈와 함께 넣어주었을 때 발생하는 시너지효과를 기대하고 실험을 수행하였다. 하지만 일반적인 엔도-1, 4-베타-자일라네이즈는 최적 온도가 40-80℃, pH는 4.0-6.5 를 주로 갖는데 (Polizeli M, Rizzatti ACS, Monti R, Terenzi HF, Jorge JA, Amorim DS. 2005. Applied Microbiology and Biotechnology 67(5):577-591) HcEXLX는 30℃ 이상에서 안정하지 못하고 약산성 쪽으로 환경이 변화하면 침전되는 것을 발견할 수 있었다. 때문에 이러한 조건에 부합하는 특성을 갖는 자일라네이즈 중에서 문헌상으로만 서열이 보고되고 과발현에 대한 발표가 없었던 사카로파거스 데그라단스 (*Saccharophagus degradans*)유래의 자일라네이즈 (엔도-1,4-베타-자일라네이즈)를 클로닝하여 과발현에 성공하고 높은 순도로 분리정제한 것을 사용하였다.

[0057] 시중에서 판매하는 자일란은 크게 귀리(Oat spelt)에서 추출한 것과 자작나무(Birch wood)에서 얻은 것이 있다. 상대적으로 입자가 덜 고운 보리의 자일란을 균일한 입자로 사용하고자 약사발로 간 것을 0.5 μM의 채로 걸러내어 그 아래의 입자들로 실험을 준비하였다. 준비한 자일란을 2.5 mg씩 각각 96 PCR-well에 넣고 (Kim ES, Lee HJ, Bang WG, Choi IG, Kim KH. 2009. Biotechnology and Bioengineering 102(5):1342-1353) 준비한 HcEXLX를 가하여 주었다. 다시 말해, 총 부피가 120 ㎕ 되게 하고 60 ㎕의 버퍼, 멸균수 40 ㎕, 단백질 HcEXLX 10 ㎕, 자일라네이즈 (Xyn10C) 10 ㎕가 되게 하였다.

[0058] 샘플링은 12시간 단위로 15 ㎕를 하여 30 ㎕의 DNS 시약 (Adney and Baker 1996)을 1:2로 넣어준 96-PCR well

plate를 PTC machine (USA)에 넣고 95℃에서 5분간 반응한 후 36 ㎕의 반응된 산물을 160 ㎕ 물과 섞어 Microplate reader기의 540 nm를 사용하여 측정하였다 (Xiao ZZ, Storms R, Tsang A. 2004. Biotechnology and Bioengineering 88(7):832-837). 환원기를 갖지 않는 자일란이 분해되면 자일로오스를 비롯한 다당류로 분해되면서 노출된 환원기와 반응하는 것을 원리로 하였다 (Adney B, Baker J. 1996. Chemical analysis and Testing Task: LAP-006 (Measurement of Cellulase Activities). Golden, CO, USA: National Renewable Energy Laboratory).

[0059] 도 6은 식물 익스팬신과 같은 시너지 효과를 갖는지를 알아보기 위해 시행한 실험결과 이다. 실험은 3회 반복을 하였으며 오차막대는 표준편차를 나타낸 것이며 총 반응부피는 120 ㎕이다. 자일라네이즈만 첨가해 준 것을 대조군으로 하여 불특정결합임에도 효소활성 상승작용을 하는 것으로 알려진 BSA(Bovine Serium Albumin)(Yang B, Wyman CE. 2006. Biotechnology and Bioengineering 94(4):611-617), 익스팬신인 HcEXLX를 각각 더하여 주었을 때 시간에 따라 생성되는 환원당의 추이를 보았다.

[0060] 결과적으로 대조군에 비해 BSA, HcEXLX를 첨가한 실험군이 높은 당화율을 보였는데 HcEXLX가 꾸준히 상승하는 것에 반하여 BSA는 초기에 상승하다가 12시간 이후로는 상승정도가 크게 둔화되어 24시간 이후로는 HcEXLX의 효과에 미치지 못하는 것을 볼 수 있었고 48시간에 다다르면 대조군이 나타내는 본연의 효과와 큰 차이를 보이지 못하는 것으로 관찰되었다. 이는 BSA가 갖는 단백질 안정화 효과 (Rodriguez-Almazin et al. 2007. The public library of science One 2(6):e497)로 해석할 수 있다. 제한효소를 처리할 때도 BSA의 안정화 효과를 고려하여 같이 처리하는 방법을 사용하는 것도 그 이유가 된다.

[0061] 반면, HcEXLX의 경우 12시간을 기준으로 한 환원당의 양은 BSA의 효과보다 낮은 상태이지만 시간이 지나 지속적으로 증가하여 24시간 이후로는 더 이상 효과를 보이지 못하는 BSA 효과와 차이를 보였다. 48시간을 기준으로 하여 보면, 대조군에 비해 약 2.65배, BSA의 효과에 비해 2.07배 가량 많은 환원당을 생성함을 보였다. 이 결과를 통해 알 수 있는 것은, BSA의 안정화 효과가 자일라네이즈가 영향을 주어 효소 고유의 활성을 유지시켰지만 상승을 가져오지는 못했다는 점이다. 반면 HcEXLX는 BSA의 안정화 효과는 없었지만 불용성 기질의 분해를 용이하게 하는 익스팬신 고유의 작용을 하였기에 그 효과가 점차 두드러진 것이라 말할 수 있다. 이는 특정부위에 결합하는 도메인을 가진 익스팬신이 보다 적극적으로 작용하였을 것으로 해석하였다.

[0062] 도 7은 첨가한 HcEXLX의 양에 따른 시너지 효과의 추이를 그래프화 한 것이다. 기질과의 결합반응에 참여하는 HcEXLX는 역시 결합반응으로 분해를 진행하는 자일라네이즈와 경쟁관계에 놓일 수 있다. 최소한의 효소 양으로 최대한의 생산수율 증대를 목적으로 하기 때문에 이 결과를 통해 적절한 첨가비율을 조절할 수 있다. 기질에 과량의 효소와 단백질이 들어가면 오히려 저해반응을 불러일으키거나 필요이상의 자원을 사용함에서 오는 산업적 손실을 초래할 수 있기 때문이다. 전반적으로 HcEXLX를 첨가하지 않고 자일라네이즈만 처리한 대조군에 비해 HcEXLX와 자일라네이즈를 함께 처리한 집합들의 환원당 생성량이 더 높음을 볼 수 있다. 결과를 분석해 보면, 그람 자일란 당 30 ㎍ 이하의 자일라네이즈를 처리한 집합에 HcEXLX를 증가하여 가함에 따라 그 시너지 효과가 더 증진됨을 볼 수 있다. 하지만 그람 자일란 당 60 ㎍ 부터는 큰 차이를 보이지 못한 것으로 보인다.

[0063] 본 발명자들은 시너지 효과를 위와 같이 정의한 식을 사용하여 (Kim ES, Lee HJ, Bang WG, Choi IG, Kim KH. 2009. Biotechnology and Bioengineering 102(5):1342-1353) 그에 따른 차이를 비교하여 보았다. 위 식은 HcEXLX과 자일라네이즈를 같이 처리하여 발생한 환원당의 양을 자일라네이즈만 처리한 것과 HcEXLX만 처리하여 발생된 환원당을 더하여 준 것으로 나눈 것에서 1을 빼준 것이다. 이를 통해 순전히 HcEXLX의 시너지 효과만을 %로 분석할 수 있게 100을 곱하여 주었다.

표 1

자일라네이즈(μg per g xylan)	HcEXLX (μ mole per g xylan)	상승 효과(%)[a,b]
6	0.15	88.76 ± 8.08
	0.3	133.59 ± 32.20
	0.6	126.61 ±11.16
12	0.15	102.88 ± 31.01
	0.3	118.31 ± 39.92
	0.6	203.33 ± 14.42
30	0.15	18.54 ± 7.56
	0.3	21.19 ± 4.83
	0.6	28.76 ± 11.25
60	0.15	35.69 ± 7.58
	0.3	30.28 ± 9.49
	0.6	42.02 ± 14.93

[b] 상승활성 값은 평균 ± 표준 편차로 표시하였다.

$$\text{Synergistc acitivity}(\%) = \frac{(\text{reducing sugar released by HcEXLX and xylanase})}{(\text{reducing sugar released by xylanase alone} + \text{reducing sugar released by HcEXLX alone})} - 1 \times 100$$

[0064]

[0065] 상기 표 1은 고정된 양의 자일란에 대하여 여러 비율의 HcEXLX 및 자일라네이즈(Xyn10C)에서 HcEXLX에 의한 자일란의 가수분해의 상승 활성(%)를 나타낸 표이다.

[0066] 그람 자일란 당 6-12 μg일 경우 약 100%의 시너지를 가지며 특히 12 μg일 경우는 상승 폭이 더 높았다. 반면, 30-60 μg의 경우는 눈에 띄는 시너지를 나타내지 못했는데 이는 기질의 양에 비해 효소의 양이 상대적으로 많아서 익스팬신의 작용이 무시된 것으로 보인다. 또한 고정된 자일라네이즈에 양을 달리하여 가한 HcEXLX의 경우 넣어준 양에 비례하여 증가하는 것으로 보아 비례적 관계 가짐을 알 수 있었으나 기질 대비 단백질들이 많아 충분히 특정결합을 이루지 못한 채 반응한 것으로 해석할 수 있다. 결과적으로 그람 자일란 당 12 μg의 자일라네이즈, 0.6μmole의 HcEXLX를 가했을 때 203.3%의 시너지 효과를 발생시킴을 알 수 있었고 이에 근거하여 최적화를 위한 세부적인 실험을 진행하기로 하였다.

[0067] 도 8은 pH의 변화에 따른 시너지 효과의 차이를 본 그림이다. 자일라네이즈의 유전자 균주인 사카로파거스와 HcEXLX의 유전자 균주인 하헬라 제준시스는 모두 해양 미생물이기 때문에 앞서서 수행한 도 4의 HcEXLX 고유 특성과 비슷한 구간에서 시너지가 최적화 될 것을 가질 것으로 예상하였고 절충된 구간 역시 앞의 결과와 크게 다르지 않음을 알 수 있었다. 또한 자일라네이즈의 자체적인 활성 구간과 시너지 구간은 모두 pH 7에서 최적임을

알 수 있었다.

[0068] 도 9는 온도별 차이를 본 것으로 앞서서 수행한 도 5의 결과처럼 단백질 자체의 활성이 떨어지는 구간이기 때문에 40℃ 부터는 시너지 구간도 없을 뿐만 아니라 자일라네이즈의 활성도 거의 없음을 확인할 수 있었다. 반면 온도가 낮은 상태에서도 자일라네이즈 자체적 활성은 약간의 차이를 보인 반면, HcEXLX의 첨가에 따른 시너지 효과의 차이는 크게 벌어지는 것으로 확인되었고 이에 30℃의 구간을 최적화로 결정하였다.

[0069] 위 결과들을 종합하여 보면 본 발명자들이 개발한 HcEXLX 단백질은 상대적으로 낮은 온도와 중성의 조건에서 효과가 가장 좋은 것으로 보인다.

도면의 간단한 설명

[0070] 도 1은 자일란의 구조 및 분해효소를 나타낸 그림이며,

[0071] 도 2는 익스팬신 유사 단백질 염기서열간의 공통 모티브 비교분석를 나타낸 그림이며,

[0072] 도 3은 Hahella chejuensis로부터 클로닝된 재조합 HcEXLX의 SDS-PAGE 분석을 나타낸 그림이며, 여기서 레인 1은 전체 세포-후리 추출물, 레인 2는 His-tag 친화 컬럼으로부터 Tris- Cl 버퍼(pH 8.03)에서 20 mM immidazole과 300 mM 염화나트륨으로 세척한 분획, 레인 3은 분자량 마커, 레린 4-11은 His-tag 친화 컬럼으로부터 용출 분획들 (발현된 단백질 크기는 약 26 kDa)이며,

[0073] 도 4는 HcEXLX의 안정성에 대한 반응 버퍼의 pH 효과를 나타냄. Hahella chejuensis로부터 얻은 HcEXLX를 30℃에서 여러 pH 버퍼 용액으로 처리(50 mM, sodium citrate, pH 5-9)하고 1시간 후 상등액을 BCA 분석법으로 측정하였으며,

[0074] 도 5는 HcEXLX의 안정성에 대한 반응 버퍼의 온도 효과를 나타냄. Hahella chejuensis로부터 얻은 HcEXLX를 여러 온도에서 버퍼 용액(50 mM, sodium citrate, pH 7.0)으로 처리하고 1시간 후 상등액을 BCA 분석법으로 측정하였으며,

[0075] 도 6은 자일란 가수분해에 대한 상승작용에 대한 HcEXLX 효과를 나타낸 그림으로, 귀리(2.5 mg)로부터 자일란을 30℃에서 구연산 나트륨 버퍼(pH 7.0)의 12 ㎍의 자일라네이즈(Xyn10C from *Saccharophagus degradans* 2-40) per g 자일란 및 0, 0.6 μmole 의 HcEXLX 또는 BSA per g 자일란을 처리하였다. 실험은 3회 반복 수행되었고, 그 데이터 점들과 에러바는 평균±표준편차를 나타낸다.

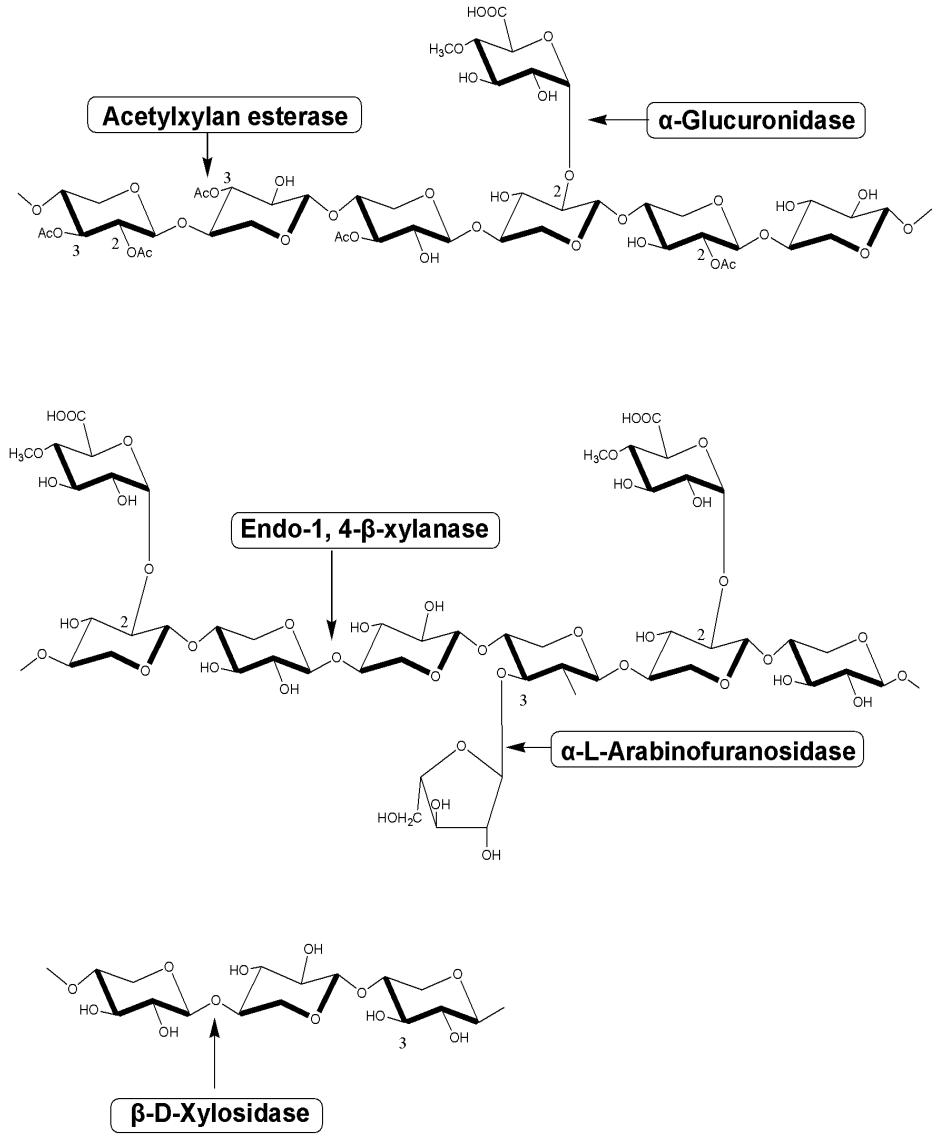
[0076] 도 7은 자일란 가수분해에 대한 상승작용에 대한 HcEXLX 및 자일라네이즈 양의 효과를 나타낸 그림으로, 귀리(2.5 mg)로부터 자일란을 30℃에서 구연산 나트륨 버퍼(pH 7.0)의 6, 12, 30 및 60 ㎍의 자일라네이즈(Xyn10C from *Saccharophagus degradans* 2-40) per g 자일란 및 0, 0.15, 0.3 및 0.6 μmole 의 HcEXLX per g 자일란을 36시간 처리하였다. 실험은 3회 반복 수행되었고, 그 데이터 점들과 에러바는 평균±표준편차를 나타낸다.

[0077] 도 8은 자일란 가수분해에서 HcEXLX 상승작용에 대한 pH 효과를 나타낸 그림으로, 귀리(2.5 mg)로부터 자일란을 30℃에서 구연산 나트륨 버퍼의 12 ㎍의 자일라네이즈(Xyn10C from *Saccharophagus degradans* 2-40) per g 자일란 및 0, 0.6 μmole 의 HcEXLX 또는 BSA per g 자일란을 36시간 처리하였다. 실험은 3회 반복 수행되었고, 그 데이터 점들과 에러바는 평균±표준편차를 나타낸다.

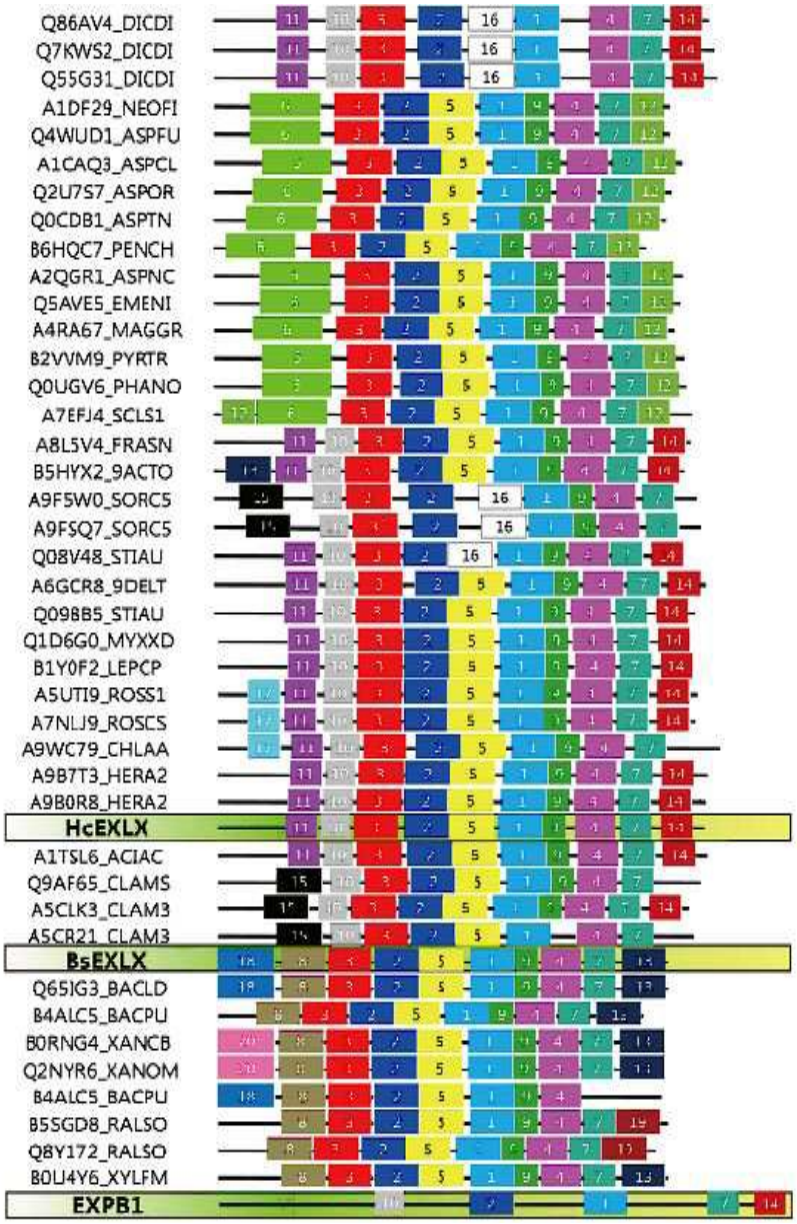
[0078] 도 9는 자일란 가수분해에서 HcEXLX 상승작용에 대한 온도 효과를 나타낸 그림으로, 귀리(2.5 mg)로부터 자일란을 구연산 나트륨 버퍼의 12 ㎍의 자일라네이즈(Xyn10C from *Saccharophagus degradans* 2-40) per g 자일란 및 0, 0.6 μmole 의 HcEXLX 또는 BSA per g 자일란을 36시간 처리하였다. 실험은 3회 반복 수행되었고, 그 데이터 점들과 에러바는 평균±표준편차를 나타낸다.

도면

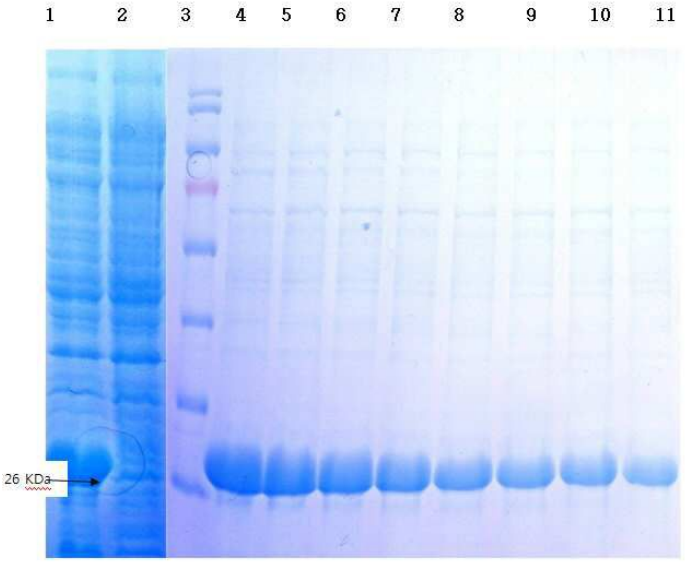
도면1


Acetylxylan esterase
α-Glucuronidase
Endo-1, 4-β-xylanase
α-L-Arabinofuranosidase
β-D-Xylosidase

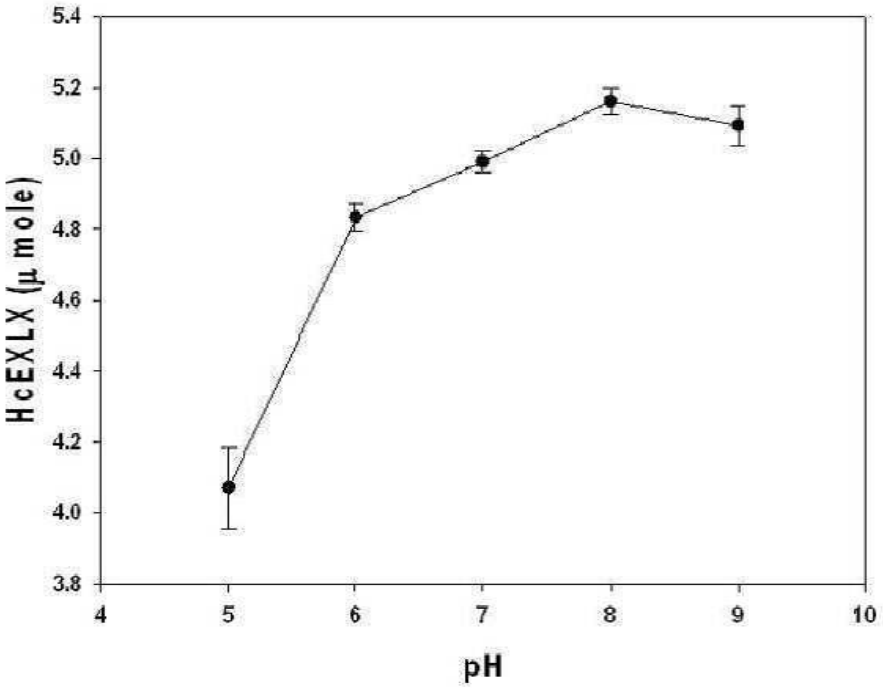
도면2


Q86AV4_DICDI
Q7KWS2_DICDI
Q55G31_DICDI
A1DF29_NEOFI
Q4WUD1_ASPFU
A1CAQ3_ASPCL
Q2U7S7_ASPOR
Q0CDB1_ASPTN
B6HQC7_PENCH
A2QGR1_ASPNC
Q5AVE5_EMENI
A4RA67_MAGGR
B2VVM9_PYRTR
Q0UGV6_PHANO
A7EFJ4_SCLS1
A8L5V4_FRASN
B5HYX2_9ACTO
A9F5W0_SORC5
A9FSQ7_SORC5
Q08V48_STIAU
A6GCR8_9DELT
Q098B5_STIAU
Q1D6G0_MYXXD
B1Y0F2_LEPCP
A5UTI9_ROSS1
A7NLJ9_ROSCS
A9WC79_CHLAA
A9B7T3_HERA2
A9B0R8_HERA2
HcEXLX
A1TSL6_ACIAC
Q9AF65_CLAMS
A5CLK3_CLAM3
A5CR21_CLAM3
BsEXLX
Q65IG3_BACLD
B4ALC5_BACPU
B0RNG4_XANCB
Q2NYR6_XANOM
B4ALC5_BACPU
B5SGD8_RALSO
Q8Y172_RALSO
B0U4Y6_XYLFM
EXPB1

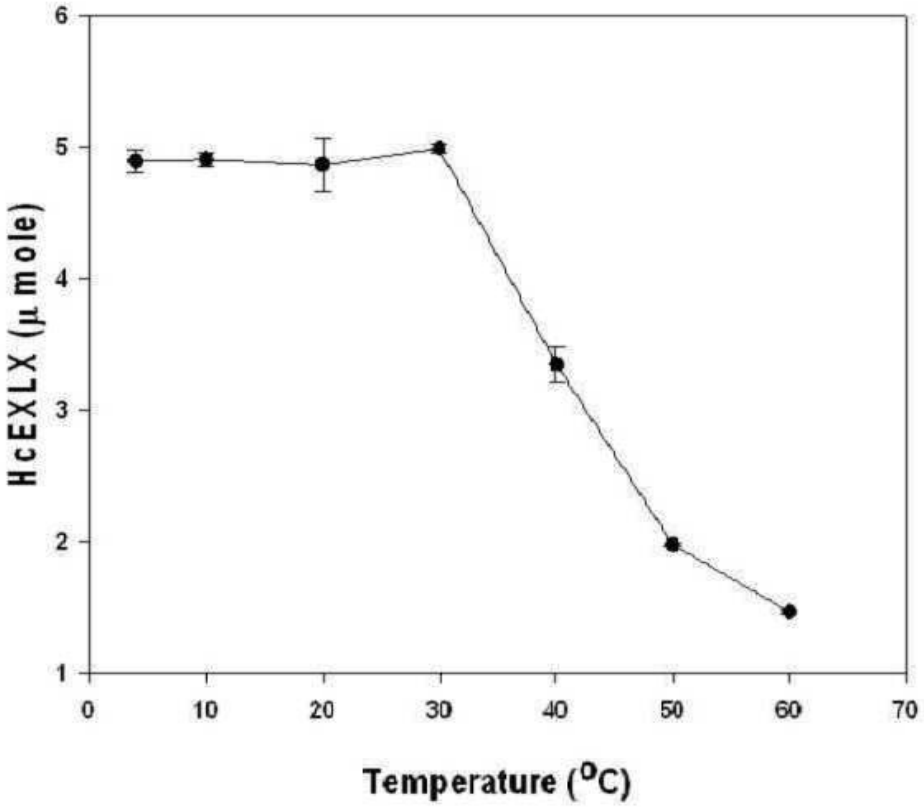
도면3


1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11
26 KDa

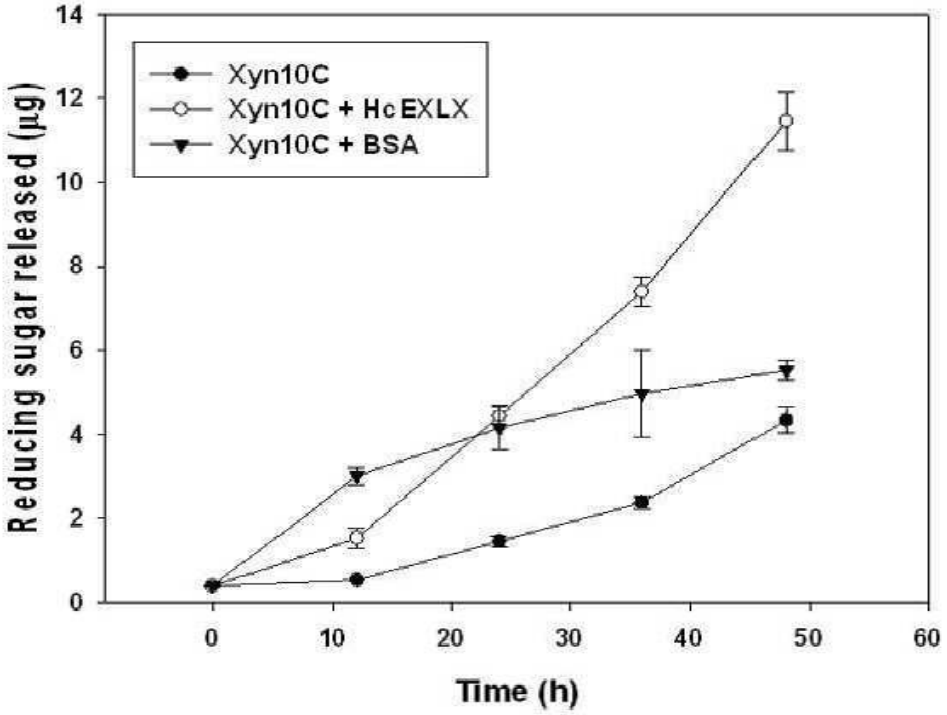
도면4


HcEXLX (μmole)
pH
5.4
5.2
5.0
4.8
4.6
4.4
4.2
4.0
3.8
4
5
6
7
8
9
10

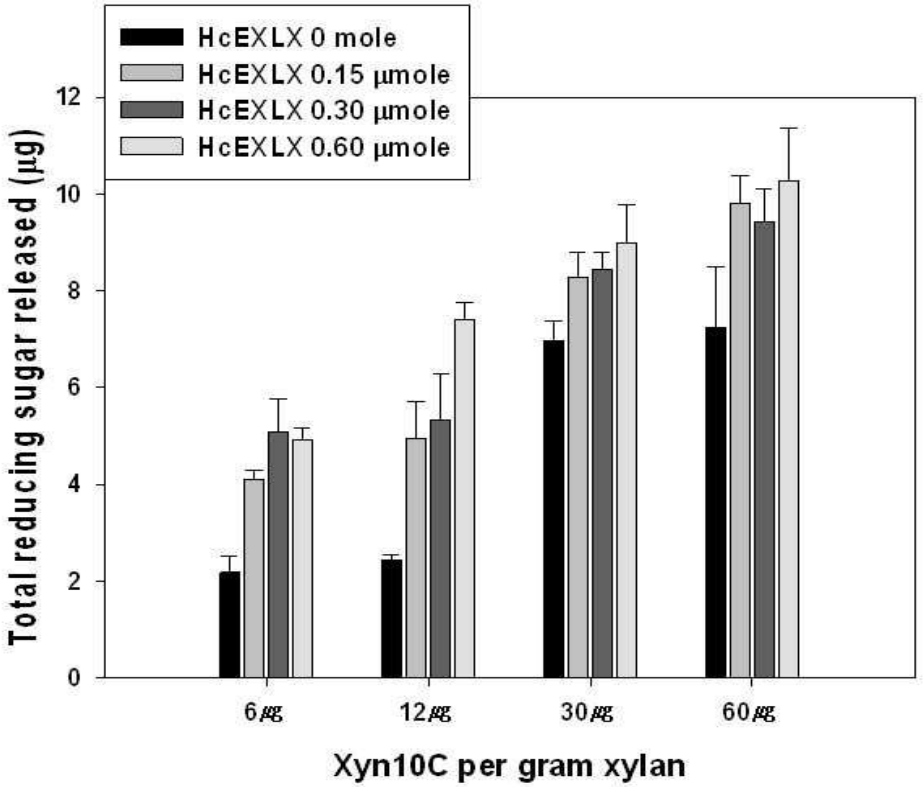
도면5



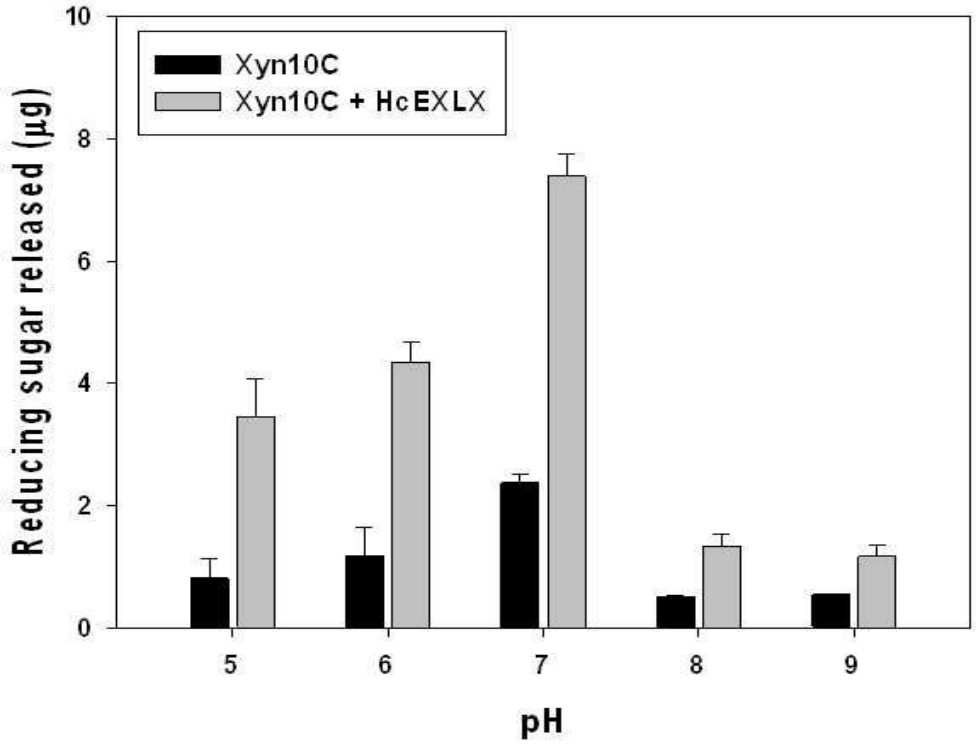
도면6


Xyn10C
Xyn10C + HcEXLX
Xyn10C + BSA
Reducing sugar released (μg)
Time (h)
0
2
4
6
8
10
12
14
0
10
20
30
40
50
60

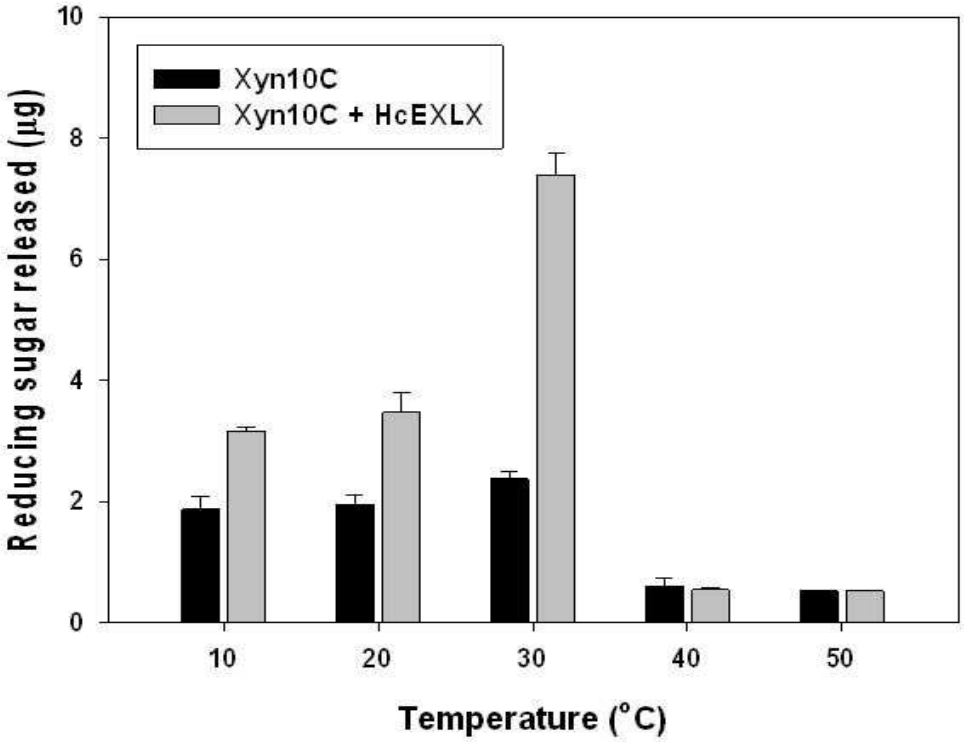
도면7


HcEXLX 0 mole
HcEXLX 0.15 μmole
HcEXLX 0.30 μmole
HcEXLX 0.60 μmole
Total reducing sugar released (μg)
0
2
4
6
8
10
12
6㎍
12㎍
30㎍
60㎍
Xyn10C per gram xylan

도면8


Xyn10C
Xyn10C + HcEXLX
Reducing sugar released (μg)
0
2
4
6
8
10
5
6
7
8
9
pH

도면9



서 열 목 록

<110> KOREA UNIVERSITY RESEARCH AND BUSINESS FOUNDATION
<120> A composition for enhancement of degradation of xylan comprising an expansin and a xylanase

<160> 44

<170> KopatentIn 1.71

<210> 1
<211> 238
<212> PRT
<213> Q86AV4: (Expansin-like protein 5 from Dictyostelium discoideum)

<400> 1
Met Arg Ile Asn Phe Lys Leu Ile Leu Ile Ile Leu Thr Ser Phe Tyr
1 5 10 15

Gly Ile Ile Asn Cys Gln Ser Thr Cys Pro Tyr Ser Lys Thr Val Ile

```
             20                  25                  30

Asn Gly Ala Ser Ala Thr Phe Tyr Ser Ala Met Asp Asn Gly Asn Cys
         35                  40                  45

Gly Phe Gly Lys Leu Thr Gly Pro Thr Gly Pro Gly Asn Tyr Met Ile
     50                  55                  60

Ala Ala Leu Gly Thr Lys Leu Tyr Gln Asn Gly Ala Gln Cys Gly Gln
 65                  70                  75                  80

Cys Phe Lys Ile Ser Asn Ser Lys Asn Ala Ser Val Thr Val Met Ala
                 85                  90                  95

Thr Asp Ser Cys Asn Asp Ala Gly Tyr Cys Gln Arg Asp Asn His Phe
            100                 105                 110

Asp Leu Ser Pro Thr Ala Phe Ser Ile Leu Gly Ala Gln Ser Gln Gly
        115                 120                 125

Val Leu Asp Gly Leu Ser Tyr Val Lys Val Pro Cys Arg Val Ser Gly
    130                 135                 140

Asn Val Lys Val Met Leu Lys Asp Gly Ser Asn Ala Tyr Trp Thr Ser
145                 150                 155                 160

Phe Leu Val Phe Asn Asn Ala Ile Asp Val Lys Gln Val Ser Ile Lys
                165                 170                 175

Leu Ser Gly Ser Ser Thr Tyr Val Pro Leu Thr Gln Thr Thr Tyr Asn
            180                 185                 190

Tyr Trp Pro Ser Ser Ile Thr Ala Gly Ser Phe Gln Val Arg Ile Glu
        195                 200                 205

Ser Ile Gly Gly Glu Phe Ile Tyr Val Thr Ile Pro Ser Val Val Ser
    210                 215                 220

Ser Lys Ile Tyr Asp Thr Gly Ser Gln Phe Ser Ser Ser Cys
225                 230                 235
```

<210> 2
<211> 335
<212> PRT

<213> Q7KWS2: (Expansin-like protein 3 from Dictyostelium discoideum)

<400> 2

```
Met Lys Phe Asn Thr Ile Phe Leu Val Leu Ser Ile Val Lys Phe Ile
  1               5                  10                  15

Leu Ile Ser Ala Gln Ser Cys Pro Phe Ser Gln Ser Ile Ile Asn Gly
             20                  25                  30

Ala Ser Ala Thr Phe Tyr Thr Ala Ile Asp Ala Gly Asn Cys Gly Phe
         35                  40                  45

Glu Lys Leu Asn Gly Pro Leu Gly Pro Gly Asn Tyr Met Ile Ala Ala
     50                  55                  60

Leu Gly Ser Lys Leu Tyr Gln Asn Gly Ala Gln Cys Gly Gln Cys Phe
 65                  70                  75                  80

Lys Ile Ser Asn Ser Lys Asn Ala Ser Val Thr Val Met Ala Thr Asp
                 85                  90                  95

Ser Cys His Asp Ala Gly Tyr Cys Gln Arg Asp Asn His Phe Asp Leu
            100                 105                 110

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

Asp Gly Leu Ser Tyr Val Lys Val Pro Cys Glu Val Ser Gly Asn Val
    130                 135                 140

Lys Ile Met Met Lys Asp Gly Ser Asn Asp Phe Trp Thr Ser Phe Phe
145                 150                 155                 160

Val Phe Asn Ser Lys Val Ile Ile Lys Gln Val Ser Ile Lys Leu Ser
                165                 170                 175

Asn Ser Asn Gln Phe Val Pro Leu Ser Gln Thr Thr Tyr Asn Tyr Trp
            180                 185                 190

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

Gly Gly Glu Phe Ile Tyr Val Thr Ile Pro Lys Val Glu Ser Arg Lys
```

```
    210                 215                 220

Val Tyr Glu Thr Ser Gly Gln Phe Ser Thr Ser Cys Ser Asn Leu Asn
225                 230                 235                 240

Glu Asn Asn Pro Ile Asn Tyr Lys Pro Gln Thr Phe Asn Ser Gln Gln
                245                 250                 255

Thr Ser Asn Asn Gln Asn Ser Asn Thr Gln Thr Pro Thr Lys Gln Pro
            260                 265                 270

Ser Pro Asn Ser Gln Asn Phe Ile Pro Ser Tyr Cys Gln Gln Tyr Ile
        275                 280                 285

Gln Lys Pro Asn Tyr Ile Phe Ala Lys Glu Ser Lys Glu Met Leu Val
    290                 295                 300

Leu Asn Glu Asn Glu Asn Ile Glu Ser Asn Ser Leu Lys Leu Leu Pro
305                 310                 315                 320

Asn Phe Leu Leu Leu Ile Leu Ile Ile Leu Leu Asn Ile Asn Phe
                325                 330                 335
```

<210> 3
<211> 286
<212> PRT
<213> Q55G31: (Expansin-like protein 1 from Dictyostelium discoideum)

<400> 3

```
Met Lys Thr Phe Val Leu Phe Val Ile Leu Leu Cys Leu Thr Phe Leu
  1               5                  10                  15

Ser Ile Ser Lys Ser Glu Thr Cys Pro Phe Ser Gln Ser Leu Val Ser
             20                  25                  30

Gly Ala Ser Ala Thr Tyr Tyr Thr Asp Pro Asn Ala Gly Asn Cys Gly
         35                  40                  45

Tyr Glu Asn Leu Met Gly Pro Leu Gly Pro Gly Asn Leu Phe Ile Ala
     50                  55                  60

Ala Leu Gly Pro Asn Leu Tyr Asn Asn Gly Lys Asn Cys Gly Gln Cys
 65                  70                  75                  80
```

```
Phe Asn Ile Ser Ser Pro Tyr Thr Asn Arg Ser Val Val Ile Met Ala
                 85                  90                  95

Thr Asp Ser Cys Pro Asp Ser Gly Tyr Cys Gln Arg Ser Ser His Phe
            100                 105                 110

Asp Leu Ser Thr Gln Ala Phe Asp Val Leu Gly Ala Gln Ser Ile Gly
        115                 120                 125

Val Leu Glu Gly Leu Thr Tyr Tyr Lys Val Pro Cys Gly Val Asn Gly
    130                 135                 140

Asn Val Lys Ile Met Met Lys Asp Gly Ser Asn Asp Tyr Trp Thr Ala
145                 150                 155                 160

Phe Leu Ile Tyr Asn Ser Lys Val Thr Ile Lys Asp Val Ser Val Lys
                165                 170                 175

Ile Thr Gly Lys Ser Thr Tyr Thr Ser Leu Thr Gln Ser Ser Tyr Asn
            180                 185                 190

Tyr Trp Ile Ser Pro Asn Met Val Pro Gly Ser Phe Asp Val Arg Ile
        195                 200                 205

Glu Ser Val Gly Gly Glu Phe Ile Tyr Ile Thr Ile Pro Lys Val Glu
    210                 215                 220

Ser Arg Lys Gln Tyr Glu Thr Ser Ser Gln Phe Ser Val Asp Gly Cys
225                 230                 235                 240

Val Gly Thr Pro Ser Gly Pro Ser Gly Gly Leu Gly Ser Pro Ser Thr
                245                 250                 255

Gly Ala Ser Ile Gly Thr Pro Ser Asp Ala Ser Ser Leu Thr Leu Tyr
            260                 265                 270

Ala Leu Phe Ser Leu Thr Ile Leu Phe Leu Val Met Leu Asn
        275                 280                 285
```

<210> 4
<211> 352

<212> PRT
<213> A1DF29: (Extracellular cellulase CelA, putative from Neosartorya fischeri)

<400> 4

```
Met Leu Tyr Gln Arg Leu Thr Thr Leu Gly Val Ala Ala Leu Val Ala
  1               5                  10                  15

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

Cys Arg Ala Gly Tyr Asn Lys Ala Val Ser His Val Pro Thr Thr His
         35                  40                  45

Glu Ala Thr Pro Ser Ile Asn Pro Pro Val Glu Leu Ser Glu Ala Pro
     50                  55                  60

Ser Gln Ser Pro Trp Pro Thr Val Asp Ser Pro Ser Ala Ala Ser Ile
 65                  70                  75                  80

Ile Pro Thr Val Asp Glu Ile Thr His Val Lys Lys Pro Gln Ala Asp
                 85                  90                  95

Glu Asp Pro Asp Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Thr Ser
            100                 105                 110

Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Thr Gln Gln Gln Asp Thr Val Pro Ala
        115                 120                 125

Ala Pro Ala Glu Pro Ala Thr Ala Ala Ser Gln Thr Asn Asn Lys Ala
    130                 135                 140

Ala Ala Ala Ala Ser Ser Ser Ser Ser Thr Thr His Ser Gly Lys Ala
145                 150                 155                 160

Thr Phe Tyr Gly Gly Asn Ile Ser Gly Gly Thr Cys Ser Phe Thr Gly
                165                 170                 175

Tyr Thr Leu Pro Ser Gly Leu Phe Gly Thr Ala Tyr Ser Gly Ala Ala
            180                 185                 190

Trp Asn Asn Ala Ala Glu Cys Gly Ala Cys Val Ser Val Lys Gly Pro
        195                 200                 205

Asn Gly Lys Thr Ile Lys Ala Met Ile Val Asp Gln Cys Pro Glu Cys
```

210 215 220

Glu Gln Asp His Leu Asp Leu Phe Gln Asp Ala Phe Thr Gln Leu Ala
225 230 235 240

Asp Val Ser Lys Gly Ile Ile Pro Ile Thr Trp Ser Phe Val Pro Cys
245 250 255

Gly Ile Thr Ser Pro Val Val Leu Lys Asn Lys Glu Gly Thr Ser Arg
260 265 270

Tyr Trp Phe Ser Met Gln Val Met Asn Ala Asn Glu Pro Val Ala Lys
275 280 285

Leu Glu Val Ser Thr Asp Gly Gly Lys Thr Trp Gln Gly Thr Thr Arg
290 295 300

Thr Ser Tyr Asn Phe Phe Glu Glu Ser Ser Gly Phe Gly Gln Asp Thr
305 310 315 320

Val Asp Val Arg Val Thr Gly Gln Ser Gly Ala Thr Leu Thr Val Lys
325 330 335

Asn Val Gly Thr Ser Ser Gly Ser Ser Val Thr Ala Lys Ser Asn Leu
340 345 350

<210> 5
<211> 344
<212> PRT
<213> Q4WUD1: (Extracellular cellulase CelA/allergen Asp F7-like from Aspergillus fumigatus)

<400> 5
Met Leu Tyr Gln Arg Leu Thr Ala Leu Gly Val Ala Ala Leu Val Ala
1 5 10 15

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

Cys Arg Ala Lys Tyr Asn Lys Ala Val Ser His Val Pro Thr Thr His
35 40 45

Glu Ala Thr Pro Thr Ile Asn Leu Pro Val Glu Leu Pro Glu Thr Gln

```
     50                  55                  60

Ser Gln Ser Pro Trp Pro Thr Val Asp Glu Ile Val Pro Val Lys Lys
 65                  70                  75                  80

Pro Gln Ala Asp Glu Asp Pro Asn Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser
                 85                  90                  95

Ser Ser Ser Leu Ser Thr Thr Ser Ala Leu Pro Ser Ser Pro Ala Thr
            100                 105                 110

Gln Glu Gln Asp Thr Val Ser Ala Ala Pro Ala Glu Pro Thr Thr Ala
        115                 120                 125

Ala Pro Glu Thr Val Asn Lys Ala Ala Thr Thr Ala Ser Ser Ser Ser
    130                 135                 140

Ser Thr Thr His Ser Gly Lys Ala Thr Phe Tyr Gly Gly Asn Val Ser
145                 150                 155                 160

Gly Gly Thr Cys Ser Phe Thr Gly Tyr Thr Leu Pro Ser Gly Leu Phe
                165                 170                 175

Gly Thr Ala Tyr Ser Gly Ala Ala Trp Asn Asn Ala Ala Glu Cys Gly
            180                 185                 190

Ala Cys Val Ser Val Thr Gly Pro Asn Gly Lys Thr Ile Lys Ala Met
        195                 200                 205

Ile Val Asp Gln Cys Pro Glu Cys Glu Gln Asp His Leu Asp Leu Phe
    210                 215                 220

Gln Asn Ala Phe Thr Gln Leu Ala Asp Val Ser Lys Gly Ile Ile Pro
225                 230                 235                 240

Ile Thr Trp Ser Phe Val Pro Cys Gly Ile Thr Thr Pro Leu Val Leu
                245                 250                 255

Lys Asn Lys Glu Gly Thr Ser Pro Tyr Trp Phe Ser Met Gln Val Met
            260                 265                 270

Asn Ala Asn Glu Pro Val Ala Lys Leu Glu Val Ser Thr Asp Gly Gly
        275                 280                 285
```

```
Lys Thr Trp Gln Gly Thr Thr Arg Thr Ser Tyr Asn Phe Phe Glu Lys
    290                 295                 300

Ser Ser Gly Phe Gly Lys Asp Thr Val Asp Val Arg Val Thr Gly Gln
305                 310                 315                 320

Ser Gly Ala Thr Leu Thr Val Thr Asn Val Gly Thr Ser Ser Gly Ser
                325                 330                 335

Ser Val Thr Ala Lys Ser Asn Leu
            340
```

<210> 6
<211> 428
<212> PRT
<213> A1CAQ3: (Cellulase, putative from Aspergillus clavatus)

<400> 6

```
Met Arg Tyr Gln Arg Leu Thr Thr Leu Gly Val Ala Ala Leu Gly Ala
  1               5                  10                  15

Ala Ala Ser Val Ser Ala Ser Pro Leu Phe Gln Arg Ala Glu Asn Gln
             20                  25                  30

Cys Pro Pro Gly Tyr Thr Met Ser Val Tyr Tyr Val Thr Val Thr Ala
         35                  40                  45

Ser Pro Thr Pro Ser Ile Glu Pro Val Thr Thr Leu Ser Ser Ser Ser
     50                  55                  60

Thr Thr Thr Val Thr Thr Thr Val Thr Pro Glu Ala Pro Ala Lys Thr
 65                  70                  75                  80

Ser Ser Ser Leu Asp Val Glu Ser Ser Val Pro Glu Arg Thr Pro Val
                 85                  90                  95

Glu Thr Pro Val Ala Ser Glu Pro Pro Val Val Pro Ser Ser Ser Ser
            100                 105                 110

Thr Lys Gln Ile Val Val Pro Thr Ala Glu Pro Val Pro Val Pro Val
        115                 120                 125

Pro Glu Pro Ile Glu Pro Ala Pro Ser Ser Thr Lys Thr Thr Val Ala
```

```
    130                 135                 140

Thr Glu Pro His Thr Thr Ala Ala Pro Pro Val Val Pro Ser Ser Ser
145                 150                 155                 160

Ser Thr Lys Gln Ile Val Ile Pro Thr Ala Glu Pro Val Pro Val Pro
                165                 170                 175

Val Arg Glu Pro Ile Glu Pro Ala Pro Ser Ser Thr Arg Thr Thr Val
            180                 185                 190

Ala Thr Glu Pro His Thr Thr Ala Ala Pro Pro Val Ala Val Pro Pro
        195                 200                 205

Ala Thr Ala Pro Leu Ala Ala Thr Thr Thr Ala Ala Pro Pro Pro Pro
    210                 215                 220

Ala Ser Arg Pro Ala Gly Ser Asn Ser Gly Lys Ala Thr Phe Tyr Gly
225                 230                 235                 240

Gly Asn Val Ser Gly Gly Thr Cys Ser Phe Ser Gly Tyr Lys Leu Pro
                245                 250                 255

Ala Gly Leu Phe Gly Thr Ala Leu Ser Lys Ala Arg Trp Ser Asp Ala
            260                 265                 270

Ala Glu Cys Gly Ala Cys Val Ser Val Thr Gly Pro Asn Gly Asn Ser
        275                 280                 285

Ile Lys Ala Met Ile Val Asp Gln Cys Pro Glu Cys Glu Ser Asn His
    290                 295                 300

Leu Asp Leu Phe Gln Asp Ala Phe Ala Glu Leu Ala Asp Ile Ser Lys
305                 310                 315                 320

Gly Ile Ile Gly Ile Asp Trp Ser Tyr Val Pro Cys Glu Ile Asp Ser
                325                 330                 335

Pro Leu Val Leu Lys Asn Lys Glu Gly Thr Ser Arg Tyr Trp Phe Ser
            340                 345                 350

Met Gln Val Val Asn Ala Asn Glu Pro Val Ala Ser Leu Glu Val Ser
        355                 360                 365
```

```
Thr Asn Gly Gly Ser Thr Trp Gln Pro Thr Thr Arg Thr Tyr Tyr Asn
    370                 375                 380

Phe Phe Glu Asn Ala Ser Gly Phe Gly Ala Asp Thr Val Asp Val Arg
385                 390                 395                 400

Val Thr Gly Val Ser Gly Lys Ser Leu Thr Val Lys Asn Val Gly Val
                405                 410                 415

Gly Ser Ser Ser Ser Val Thr Ala Ser Ser Asn Leu
            420                 425
```

<210> 7
<211> 420
<212> PRT
<213> Q2U7S7: (Predicted protein from Aspergillus oryzae)

<400> 7

```
Met Lys Tyr Gln Arg Leu Ala Ser Leu Gly Leu Ala Ala Leu Ser Val
  1               5                  10                  15

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

Val Cys Pro Ser Gly Tyr Thr Gln Ser Val Tyr Tyr Val Thr Val Thr
         35                  40                  45

Ala Ser Ser Thr Pro Ala Ser Thr Ser Ser Val Glu Pro Thr Thr Thr
     50                  55                  60

Ile Glu Ser Thr Ser Thr Val Thr Glu Thr Thr Val Ile Thr Pro Glu
 65                  70                  75                  80

Ile Pro Ala Gln Ser Pro Thr Ser Thr Pro Val Glu Ile Pro Ala Pro
                 85                  90                  95

Val Glu Thr Pro Ala Pro Val Glu Thr Pro Ser Pro Ala Glu Thr Pro
            100                 105                 110

Ala Pro Val Glu Thr Asn Thr Pro Val Glu Pro Thr Thr Ser Ser Ser
        115                 120                 125

Thr Thr Glu Thr Pro Val Val Ala Pro Thr Ile Ala Thr Pro Ser Thr
```

130 135 140

Ala Asp Val Gln Pro Thr Glu Val Val Ala Glu Pro Ser Thr Ser Ser
145 150 155 160

Ser Ser Thr Glu Glu Pro Thr Ala Thr Pro Ile Ala Ala Glu Thr Pro
165 170 175

Ser Thr Thr Val Asp Ala Gln Pro Thr Thr Ala Ala Ala Ala Pro Thr
180 185 190

Thr Lys Gln Leu Lys Leu Ser Thr Thr Ser Thr Ala Ala Pro Ala Ala
195 200 205

Ser Val Thr Ser Ser Ser Thr Gly Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser
210 215 220

Ser Glu Ser Asn Ser Gly Glu Ala Thr Phe Tyr Gly Gly Asn Leu Ser
225 230 235 240

Gly Gly Ala Cys Ser Phe Thr Gly Tyr Thr Leu Pro Ser Asn Leu Phe
245 250 255

Gly Thr Ala Leu Gly Ser Pro Arg Trp Asp Asn Ala Ala Glu Cys Gly
260 265 270

Ala Cys Val Ala Val Thr Gly Pro Asn Gly Asn Thr Ile Lys Ala Met
275 280 285

Ile Val Asp Lys Cys Pro Glu Cys Asp Ser Asn His Leu Asp Leu Phe
290 295 300

Gln Ser Ala Phe Thr Glu Leu Ala Asp Ile Ser Lys Gly Val Ile Asp
305 310 315 320

Ile Thr Trp Asn Tyr Val Ser Cys Asp Ile Asp Thr Pro Leu Lys Leu
325 330 335

Lys Asn Lys Glu Gly Thr Ser Ala Tyr Trp Phe Ser Met Gln Val Val
340 345 350

Asn Ala Asn Glu Ala Val Thr Ser Leu Glu Val Ser Thr Asp Gly Gly
355 360 365

```
Ser Thr Trp Gln Ser Thr Thr Arg Ser Asp Tyr Asn Tyr Phe Glu Asn
    370                 375                 380

Ser Ser Gly Phe Gly Thr Ala Thr Val Asp Val Arg Val Thr Gly Lys
385                 390                 395                 400

Ser Gly Lys Val Val Thr Val Asn Asn Val Ser Val Ser Ser Gly Val
                405                 410                 415

Glu Val Thr Ala
            420
```

<210> 8
<211> 341
<212> PRT
<213> Q0CDB1: (Putative uncharacterized protein from Aspergillus terreus)

<400> 8

```
Met Ser Val Tyr Tyr Lys Thr Ile Thr Leu Glu Pro Thr Pro Ser Val
  1               5                  10                  15

Glu Pro Thr Thr Thr Ile Gln Ala Thr Ser Thr Val Thr Glu Thr Val
             20                  25                  30

Thr Ala Ile Pro Glu Ser Thr Leu Thr Ser Val Ser Val Pro Met Glu
         35                  40                  45

Thr Pro Thr Thr Gly Ala Asn Val Ala Pro Thr Glu Ser Pro Val Asp
     50                  55                  60

Ala Ile Glu Thr Ser Val Ser Val Gly Leu Pro Pro Ser Ser Ser Thr
 65                  70                  75                  80

Ser Thr Ser Ala Thr Val His Gln Lys Val Ile Val Pro Ala Glu Ser
                 85                  90                  95

Thr Thr Thr Val Ala Pro Gln Pro Thr Thr Ala Ala Val Val Val Ser
            100                 105                 110

Thr Ser Gln Ala Gln Gln Pro Thr Thr Thr Ala Ala Ala Pro Ser Ala
        115                 120                 125

Ser Thr Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Lys Ser Glu Thr
```

130 135 140

Tyr Ser Gly Glu Ala Thr Phe Tyr Gly Gly Asn Val Ser Gly Gly Thr
145 150 155 160

Cys Ser Phe Thr Gly Tyr Thr Leu Pro Ser Gly Leu Phe Gly Thr Ala
165 170 175

Tyr Ser Gly Ala Gln Trp Asn Asp Ala Ala Gln Cys Gly Ala Cys Val
180 185 190

Gln Val Thr Gly Pro Ser Gly Asn Ser Ile Lys Ala Met Ile Val Asp
195 200 205

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

Phe Ser Glu Leu Ala Ala Leu Ser Glu Gly Ile Ile Ser Ile Asp Trp
225 230 235 240

Ser Phe Val Ser Cys Asp Ile Asp Thr Pro Leu Val Leu Lys Asn Lys
245 250 255

Glu Gly Thr Ser Ala Tyr Trp Phe Ser Met Gln Val Val Asn Ser Asn
260 265 270

Glu Pro Val Thr Ala Leu Glu Val Ser Thr Asp Gly Gly Ser Thr Trp
275 280 285

His Ala Thr Thr Arg Ser Phe Tyr Asn Tyr Phe Glu Asn Asp Ser Gly
290 295 300

Phe Gly Thr Asp Thr Val Asp Val Arg Ile Thr Gly Gln Ser Gly Lys
305 310 315 320

Thr Val Arg Val Asn Asn Val Gly Cys Ser Ser Gly Ser Ser Thr Thr
325 330 335

Ala Ser Thr Asn Phe
340

<210> 9
<211> 378
<212> PRT

<213> B6HQC7: (Pc22g15890 protein from Penicillium chrysogenum)

<400> 9

```
Met Lys Tyr Leu Arg Leu Ala Ser Val Ala Ala Leu Phe Ser Ala Ala
  1               5                  10                  15

Thr Val Ser Ala Gly Pro Leu Gly Ala Arg Glu His Asp Gly Tyr Cys
             20                  25                  30

Pro Lys Gly Tyr Thr Met Ser Val Tyr Tyr Lys Thr Ile Thr Val Glu
         35                  40                  45

Ser Tyr Pro Ser Thr Thr Ser Val Glu Ser Thr Pro Ala Ile Val Glu
     50                  55                  60

Ser Gln Pro Pro Ala Glu Pro Thr Leu Ala Ser Ser Ser Pro Ala Ile
 65                  70                  75                  80

Ala Val Glu Ser Thr Thr Pro Val Ala Val Ile Gln Val Glu Thr Thr
                 85                  90                  95

Ser Ser Ser Ala Pro Ala Ala Glu Thr Glu Val Ala Glu Thr Ala Ala
            100                 105                 110

Pro Lys Thr Asp Ala Val Val Ala Pro Leu Pro Thr Ala Ser Ala Glu
        115                 120                 125

Thr Ala Ala Val Ile Glu Thr Ile Ala Ala Pro Ala Val Lys Thr Pro
    130                 135                 140

Val Val Gln Pro Ser Thr Thr Glu Ala Pro Ala Glu Val Ala Ser Thr
145                 150                 155                 160

Ser Thr Lys Ser Ser Thr Ser Thr Ser Ser Thr Lys Ser Ala Ser Thr
                165                 170                 175

Gly Ser Ser Asn Gly Thr Pro Gly Lys Ala Thr Phe Tyr Gly Gly Asn
            180                 185                 190

Val Gly Gly Gly Thr Cys Ser Phe Ser Gly Tyr Thr Leu Pro Ser His
        195                 200                 205

Leu Phe Gly Thr Ala Leu Ser Leu Gln Arg Trp Asp Asp Ala Ala Asn
```

```
    210                 215                 220

Cys Gly Ala Cys Val Ser Val Thr Gly Pro Lys Gly Asn Ser Ile Lys
225                 230                 235                 240

Ala Met Ile Val Asp Gln Cys Pro Glu Cys Glu Ser Asn His Leu Asp
                245                 250                 255

Leu Phe Gln Glu Ala Phe Ala Glu Leu Ser Asp Ile Ser Ala Gly Ile
            260                 265                 270

Ile Gln Thr Thr Trp Ser Tyr Val Pro Cys Asp Leu Asp Gly Pro Leu
        275                 280                 285

Lys Leu Lys Asn Lys Glu Gly Thr Ser Ala Tyr Trp Phe Ser Met Gln
    290                 295                 300

Val Val Asn Ala Asn Glu Ala Val Thr Ala Leu Glu Val Ser Thr Asp
305                 310                 315                 320

Gly Gly Ser Ser Trp Gln Ser Thr Thr Arg Thr Tyr Tyr Asn Tyr Phe
                325                 330                 335

Glu Asn Thr Ala Gly Phe Gly Thr Ser Thr Val Asp Val Arg Ile Thr
            340                 345                 350

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

Gly Ser Glu Val Thr Ala Gly Ser Asn Leu
    370                 375
```

<210> 10
<211> 524
<212> PRT
<213> A2QGR1: Xanthomonas campestris from Aspergillus niger)

```
<400>    10
Met Lys Tyr Arg Cys Leu Ala Ser Leu Gly Ile Ala Ala Leu Gly Ala
  1               5                  10                  15

Ala Ala Thr Val Ser Ala Asn Pro Leu Leu Asn Arg Glu Ala Glu Gly
             20                  25                  30
```

Gln Cys Pro Gln Gly Tyr Thr Gln Ser Val Tyr Tyr Lys Thr Ile Thr
35 40 45

Leu Gln Pro Ser Ser Thr Ala Ser Thr Ala Pro Thr Ser Thr Leu Ala
50 55 60

Ser Ala Gly Glu Gly Gln Cys Pro Val Gly Tyr Thr Gln Ser Val Tyr
65 70 75 80

Tyr Lys Thr Ile Pro Leu Gln Pro Thr Ser Thr Ala Ser Val Glu Pro
85 90 95

Thr Ser Ala Pro Ala Val Glu Pro Thr Ser Thr Pro Ala Val Glu Ser
100 105 110

Ser Ser Thr Ser Ile Asp Gln Val Thr Thr Leu His Ser Ser Ser Thr
115 120 125

Val Ile Val Thr Glu Val Val Thr Ala Thr Pro Ala Val Ala Thr Thr
130 135 140

Ser Ser Ala Val Glu Ser Ala Ala Pro Val Ala Thr Thr Pro Ser Ala
145 150 155 160

Ala Glu Ala Ser Pro Ala Ala Glu Thr Ser Thr Ala Val Glu Ala Thr
165 170 175

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Val Val Glu Val Thr Thr Asn Ala Ala Ala
180 185 190

Asn Ala Ala Ala Thr Thr Ala Ala Ala Gln Pro Thr Pro Glu Ala Val
195 200 205

Thr Thr Glu Val Ala Thr Thr Glu Ala Ala Ala Thr Thr Glu Ala Ala
210 215 220

Ala Gln Pro Ser Pro Glu Ala Ala Thr Thr Glu Ala Val Thr Thr Gln
225 230 235 240

Ala Ala Ala Ala Ala Ala Thr Thr Glu Ala Ala Thr Thr Gln Glu Ala
245 250 255

Ala Ala Ala Ala Thr Thr Glu Ala Val Val Gln Ser Thr Ala Glu Ala

260 265 270

Ala Thr Thr Glu Ala Ala Thr Thr Glu Ala Ala Ala Ala Thr Gln Ala
275 280 285

Ala Ala Thr Thr Val Glu Ser Lys Ser Thr Ser Thr Ser Ser Thr Ala
290 295 300

Ala Ser Ala Ala Thr Ser Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser
305 310 315 320

Ser Ala Leu Ser Ser Glu Tyr Ser Gly Glu Ala Thr Phe Tyr Gly Gly
325 330 335

Asn Val Ser Gly Gly Thr Cys Ser Phe Thr Glu Tyr Thr Ile Pro Ser
340 345 350

Gly Leu Phe Gly Thr Ala Leu Ser Ser Gln Arg Trp Asp Asn Ala Ala
355 360 365

Glu Cys Gly Ala Cys Val Glu Val Thr Gly Pro Ser Gly Thr Lys Ile
370 375 380

Lys Ala Met Val Val Asp Glu Cys Pro Glu Cys Asp Ser Asn His Leu
385 390 395 400

Asp Leu Phe Glu Ser Ala Phe Ser Glu Leu Ala Asp Ile Ser Lys Gly
405 410 415

Val Ile Ser Ile Asp Trp Glu Tyr Val Ala Cys Gly Ile Thr Ser Pro
420 425 430

Ile Glu Leu Val Asn Lys Ser Gly Thr Ser Ala Tyr Trp Phe Ala Met
435 440 445

Gln Val Val Asn Ser Asn Leu Pro Val Thr Lys Leu Glu Val Ser Thr
450 455 460

Asp Ser Gly Ser Thr Trp Gln Ser Thr Thr Arg Ser Ser Tyr Asn Tyr
465 470 475 480

Phe Glu Asn Gln Ser Gly Phe Gly Thr Asp Thr Val Asp Val Arg Val
485 490 495

Thr Ala Glu Gly Gly Ser Gln Ile Thr Val Lys Asn Val Ser Val Ser
500 505 510

Ser Gly Ser Ser Val Thr Ala Ser Ser Asn Phe Glu
515 520

<210> 11
<211> 366
<212> PRT
<213> Q5AVE5: (Putative uncharacterized protein from Emericella nidulans)

<400> 11
Met Lys Tyr Gln His Phe Ser Ser Ile Ala Leu Ala Ala Leu Ser Ala
1 5 10 15

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

Cys Pro Ala Gly Tyr Ser Pro Ser Val Tyr Tyr Ile Thr Val Thr Ala
35 40 45

Glu Pro Ser Ser Thr Val Arg Pro Thr Ser Ser Ala Pro Ile Ser Ser
50 55 60

Thr Pro Thr Ser Thr Ser Thr Ser Thr Ser Thr Ser Glu Thr Ser Leu
65 70 75 80

Thr Thr Leu Ala Ser Thr Ser Thr Gly Asp Val Thr Val Thr Ser Ser
85 90 95

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

Ala Thr Ser Thr Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Thr Ser Ala Leu Ser
115 120 125

Ile Ser Glu Thr Ala Pro Thr Gln Val Ala Val Ala Arg Pro Ser Thr
130 135 140

Thr Thr Ala Ala Glu Lys Thr Ser Ser Thr Ser Thr Ser Ser Ser Ser
145 150 155 160

Ser Ser Thr Ser Thr Asn Ser Gly Ala Thr Thr Gly Glu Ala Thr Phe

165 170 175

Tyr Gly Gly Asn Leu Ser Gly Gly Thr Cys Ser Phe Thr Asp Tyr Thr
180 185 190

Leu Pro Ser His Leu Ser Gly Val Ala Phe Ser Gly Gln Ala Trp Asp
195 200 205

Asn Ala Ala Glu Cys Gly Ala Cys Ile Ala Val Thr Gly Pro Asn Gly
210 215 220

Asn Thr Val Lys Val Met Val Val Asp Lys Cys Pro Glu Cys Ala Gln
225 230 235 240

Thr His Leu Asp Leu Phe Glu Ser Ala Phe Thr Thr Leu Ala Ser Ala
245 250 255

Ser Glu Gly Gln Ile Pro Ile Ser Tyr Ser Ile Thr Pro Cys Gly Ile
260 265 270

Thr Ser Pro Leu Ile Leu Arg Asn Lys Ser Gly Thr Ser Ala Tyr Trp
275 280 285

Phe Ser Met Gln Val Val Asn Ala Asn Gly Ala Val Lys Ser Leu Glu
290 295 300

Val Ser Thr Asp Asn Gly Ser Thr Trp Gln Glu Thr Thr Arg Ser Asp
305 310 315 320

Tyr Asn Phe Phe Glu Asn Ser Ser Gly Phe Gly Thr Asp Thr Val Asp
325 330 335

Val Arg Val Thr Gly Val Asp Gly Gly Val Ile Thr Val Lys Asn Val
340 345 350

Ser Val Ala Ser Gly Glu Ser Val Thr Ala Asp Gly Asn Phe
355 360 365

<210> 12
<211> 223
<212> PRT
<213> A4RA67: (Putative uncharacterized protein from Magnaporthe grisea)

<400> 12

Met Ala Ser His Ser Ala Ile Ile Thr Arg Leu Leu Val Leu Ile Leu
1 5 10 15

Ala Ile Thr Val Arg Gln Thr Ala Ala Val Asn Gly Lys Ala Ser His
20 25 30

Tyr Gly Gly Asn Leu Ser Gly Gly Asn Cys Met Leu Thr Ser Tyr Thr
35 40 45

Ile Pro Ala Gly Thr Phe Gly Thr Ala Ile Ala Ile Ser Asn Tyr Asp
50 55 60

Asn Ser Asn Met Cys Gly Val Cys Leu Asn Val Lys Gly Pro Ser Gly
65 70 75 80

Ser Met Lys Val Met Val Val Asp Ser Cys Pro Asp Cys Pro Pro Asn
85 90 95

Lys Leu Asp Leu Phe Glu Asn Gly Phe Ser Asn Ile Gly Asp Phe Asn
100 105 110

Ala Gly Ile Val Asp Val Asp Trp Glu Val Thr Pro Cys Asp Ile Thr
115 120 125

Glu Pro Leu Gln Val Arg Asn Lys Asp Gly Thr Ser Lys Tyr Trp Phe
130 135 140

Ser Met Gln Val Leu Asn Ser Asn Gln Gln Val Gln Ser Leu Glu Val
145 150 155 160

Ser Thr Asp Gly Gly Ala Thr Trp Gln Gly Thr Thr Arg Arg Pro Tyr
165 170 175

Asn Phe Phe Glu Lys Thr Ser Gly Gly Gly Phe Gly Ala Asp Ser Leu
180 185 190

Thr Val Arg Val Thr Cys Ala Gly Gly Gly Gln Val Thr Met Gln Asn
195 200 205

Val Gly Val Ala Gly Gly Ser Ser Phe Thr Ala Ser Gly Asn Cys
210 215 220

<210> 13
<211> 397
<212> PRT
<213> B2VVM5: (Putative uncharacterized protein from Pyrenophora tritici-repentis)

<400> 13
Met Lys Gly Ala Ile Phe Ser Ile Leu Pro Phe Val Gly Leu Ala Phe
1 5 10 15

Ala Gln Glu Ser Ala Cys Pro Ala Glu Pro Asp Glu Thr Ile Thr Glu
20 25 30

Thr Glu Val Glu Thr Val Tyr Lys Thr Ala Thr Pro Thr Pro Ala Leu
35 40 45

Val Ala Asp Ala Thr Thr Ser Pro Gly Ser Cys Gly Pro Ser Ile Val
50 55 60

Ser Val Thr Met Thr Glu Lys Val Tyr Val Thr Val Thr Tyr Thr Ser
65 70 75 80

Gly Thr Tyr Val Thr Pro Asp Ala Val Lys Thr Ile Asp Val Thr Ser
85 90 95

Thr Ser Thr Leu Asp Ile Tyr Thr Thr Val Thr Leu His Pro Ser Gly
100 105 110

Ser Val His Pro Ser Gly Gly Tyr Phe Ser Asn Ser Thr Thr Val Ala
115 120 125

Leu Phe Lys Pro Ser Gln Leu Leu Ser Ser Ala Pro Ala Thr His Thr
130 135 140

Pro Ile Pro Pro Pro Arg Pro Thr Thr Thr Met Ser Thr Ile Ala Ala
145 150 155 160

Leu Lys Pro Thr Ser Ser Thr Pro Ser Pro Ala Ala Ala Thr Ser Thr
165 170 175

Ser Ala Ser Pro Ser Ala Thr Ala Ala Thr Val Ala Pro Pro Thr Thr

180 185 190

Gln Thr Lys Ala Gly Thr Thr Lys Arg Gly Ser Ala Thr Trp Tyr Gly
195 200 205

Gly Asn Leu Ser Gly Gly Thr Cys Ser Phe Val Gly Tyr Thr Ile Pro
210 215 220

Ala Gly Ile Tyr Gly Thr Ala Ile Ser Asp Phe Asn Trp Asp Thr Ala
225 230 235 240

Gly Ala Cys Gly Thr Cys Val Ser Val Thr Gly Pro Lys Gly Asn Thr
245 250 255

Val Lys Ala Met Val Val Asp Gln Cys Pro Gly Cys Gly Pro Asn His
260 265 270

Leu Asp Leu Phe Pro Asp Gly Phe Ala Ala Leu Ala Ser Pro Asn Ala
275 280 285

Gly Asn Ile Thr Val Asp Trp Ala Val Val Pro Cys Gly Ile Ser Ser
290 295 300

Pro Ile Val Leu Lys Asn Lys Ser Gly Thr Ser Lys Phe Trp Phe Ser
305 310 315 320

Met Gln Val Met Asn Ala Asn Val Gly Val Ala Lys Leu Glu Val Ser
325 330 335

Thr Asp Gly Gly Ala Ser Trp Lys Gln Thr Lys Arg Gln Pro Tyr Asn
340 345 350

Phe Phe Glu Asn Pro Ala Gly Phe Gly Thr Asp Ala Val Asp Val Arg
355 360 365

Val Thr Ser Thr Asp Gly Lys Ser Ile Val Val Lys Asn Val Gly Ile
370 375 380

Lys Ser Glu Ser Lys Thr Thr Ala Gly Gly Asn Phe Ala
385 390 395

<210> 14
<211> 397
<212> PRT

<213> Q0UGV6: (Putative uncharacterized protein from Phaeosphaeria nodorum)

<400> 14

```
Met Arg Ser Ile Ile Phe Ala Leu Leu Pro Leu Ala Gly Leu Ala Phe
  1               5                  10                  15

Ala Glu Ser Ser Thr Cys Asp Ala Gln Arg Lys Thr Val Thr Lys Thr
             20                  25                  30

Gln Tyr Glu Tyr Gln Thr Val Thr Pro Val Leu Ala Glu Lys Gly Arg
         35                  40                  45

Ala Thr Pro Glu Ala Val Thr Ser Ser Ser Cys Ser Arg Arg Thr Val
     50                  55                  60

Thr Ala Thr Lys Val Glu Lys Val Thr Val Thr Val Gly Ala Ser Asn
 65                  70                  75                  80

Thr Asp Pro Gly Thr Ile Asp Val Thr Ser Ile Ser Tyr Lys Thr Val
                 85                  90                  95

Lys Thr Thr Val Thr Val Arg Pro Ser Gly Ala Pro Pro Ala Ala Ser
            100                 105                 110

His Ala Ser Ser Ser Leu Gln Trp Gly Asn Tyr Pro Asn Ala Thr Tyr
        115                 120                 125

His Ala Ser Ser Ser Ala Arg Ser Thr Phe Leu Thr Ser Ser Ser Ala
    130                 135                 140

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

Ala Ile Pro Thr Ser Glu Ala Ala Pro Ala Ala Ala Ala Thr Pro Lys
                165                 170                 175

Val Ala Ala Ala Ala Pro Gln Glu Ala Pro Glu Thr Val Pro Gly Thr
            180                 185                 190

Ser Ser Ala Ala Ala Gly Ser Lys Arg Gly Glu Ala Thr Phe Tyr Gly
        195                 200                 205

Gly Asn Thr Ala Gly Gly Met Cys Ser Phe Thr Gly Tyr Thr Ile Pro
```

```
    210                 215                 220

Ala Gly Leu Phe Gly Thr Ala Leu Thr Asp Ser Asp Trp Asp Ser Gly
225                 230                 235                 240

Asn Ala Cys Gly Gln Cys Val Ser Val Thr Gly Pro Asp Gly Lys Thr
                245                 250                 255

Lys Ile Thr Ala Met Val Val Asp Gln Cys Pro Gly Cys Gly Pro His
            260                 265                 270

His Val Asp Leu Tyr Pro Asp Ala Phe Ala Lys Leu Ala Asp Pro Ser
        275                 280                 285

Lys Gly Ile Ile Asn Val Ser Trp Asp Phe Val Pro Cys Gly Ile Thr
    290                 295                 300

Thr Pro Ile Val Leu Lys Asn Lys Ser Gly Thr Ser Lys Phe Trp Phe
305                 310                 315                 320

Ser Ile Gln Val Met Asn Ala Asn Val Gly Val Ser Lys Leu Glu Val
                325                 330                 335

Ser Thr Asp Gly Gly Ala Ser Trp Lys Ala Thr Thr Arg Lys Pro Tyr
            340                 345                 350

Asn Phe Phe Glu Gln Pro Ser Gly Phe Gly Thr Asp Ser Val Asp Ile
        355                 360                 365

Lys Ile Thr Ser Ile Asp Gly Lys Thr Val Val Val Lys Gly Val Ser
    370                 375                 380

Val Thr Pro Asn Ala Leu Lys Thr Ala Gly Gly Asn Phe
385                 390                 395
```

<210> 15
<211> 304
<212> PRT
<213> A7EFJ4: (Putative uncharacterized protein from Sclerotinia sclerotiorum)

<400> 15

```
Met Val Phe Ser Ile Lys Asn Val Ala Ile Ala Ser Ala Phe Leu Ser
  1               5                  10                  15
```

Val Ala Gln Gly Ala Val Met Gly Lys Arg Ala Leu Ser Gly Gln Ala
20 25 30

Thr Ser Tyr Gly Gly Asn Thr Asn Gly Gly Ala Cys Ser Phe Ser Thr
35 40 45

Tyr Thr Leu Pro Ser Asn Ile Leu Gly Thr Ala Leu Ser Asp Ser Asn
50 55 60

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

Ser Gly Asn Asn Ile Thr Ala Met Ile Thr Asp Glu Cys Pro Gly Cys
85 90 95

Gly Thr Asn His Leu Asp Leu Tyr Gln Asn Ala Phe Thr Lys Leu Ala
100 105 110

Ala Leu Ser Val Gly Ile Ile Asp Ile Thr Trp Asp Tyr Val Pro Cys
115 120 125

Pro Ile Thr Thr Pro Leu Gln Val His Leu Lys Glu Gly Val Ser Ala
130 135 140

Tyr Trp Phe Ser Met Gln Val Val Asn Ala Ala Glu Gly Val Ser Lys
145 150 155 160

Leu Glu Val Ser Thr Asp Gly Ser Lys Thr Trp Lys Ser Thr Thr Arg
165 170 175

Thr Thr Tyr Asn Phe Phe Glu Asn Ser Ser Gly Phe Gly Thr Thr Ser
180 185 190

Val Asp Val Arg Val Thr Gly Leu Ser Gly Ser Thr Val Ile Ile Lys
195 200 205

Asn Val Ala Val Thr Pro Gly Leu Val Val Thr Ala Ser Gly Asn Leu
210 215 220

Lys Ser Gly Ser Thr Gly Ser Ala Lys Thr Val Val Pro Ala Thr Val
225 230 235 240

Ser Ser Thr Ser Ser Glu Val Asp Thr Val Glu Pro Val Val Ala Ala

245 250 255

Asp Ala Val Ala Thr Pro Ser Ala Ser Pro Val Ala Ala Val Ser Thr
260 265 270

Pro Asp Val Val Ala Thr Pro Ala Ser Ser Pro Ser Pro Ser Val Ala
275 280 285

Glu Glu Pro Thr Pro Glu Ser Glu Glu Ser Asp Glu Cys Asp Glu Ser
290 295 300

<210> 16
<211> 293
<212> PRT
<213> A8L5V4: (Rare lipoprotein A from Frankia sp.)

<400> 16
Met Ser Pro Ala Pro Gly Phe Val Ser Pro Val Arg Arg Ala Leu Leu
1 5 10 15

Gly Met Ala Val Ala Ala Ala Thr Ala Val Leu Ala Thr Gly Cys Gln
20 25 30

Pro Ala Val Gly Gly Gly Pro Pro Glu Pro Asp Pro Val Ser Thr Ala
35 40 45

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

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

Pro Ala Gly Pro Thr Thr Val Pro Val Thr Pro Gly Arg Ile Gln Pro
85 90 95

Gly Val Val Arg Thr Gly Pro Ala Thr His Tyr Gly Ala Asp Gly Gly
100 105 110

Gly Asn Cys Met Phe Asp Arg Leu Thr Asp Pro Ala Met Pro Val Val
115 120 125

Ala Met Asn Glu Leu Asp Tyr Glu Thr Ala Arg Ala Cys Gly Ala Tyr

```
    130                 135                 140

Ile Glu Val Thr Gly Pro Gly Gly Thr Thr Val Val Lys Val Thr Asp
145                 150                 155                 160

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

Phe Ala Arg Ile Ala Gly Gly Val Pro Gly Leu Val Asp Val Thr Trp
            180                 185                 190

Arg Leu Val Ser Pro Ala Asp Ile Gly Ser Val Gln Phe Arg Val Lys
        195                 200                 205

Glu Gly Ser Ser Ala Tyr Trp Leu Ala Ile Gln Val Arg Asn His Arg
    210                 215                 220

Asn Pro Val Val Ser Leu Glu Val Arg Val Asn Gly Ala Trp Thr Ala
225                 230                 235                 240

Leu Pro Arg Glu Met Trp Asn Tyr Phe Val Ala Pro Gln Gly Leu Gly
                245                 250                 255

Pro Gly Pro Phe Thr Val Arg Ile Thr Asp Val Tyr Gly Glu Gln Leu
            260                 265                 270

Val Glu Thr Val Asn Leu Ala Pro Ala Ser Val Gln Thr Thr Gly Ser
        275                 280                 285

Gln Phe Ala Arg His
    290
```

<210> 17
<211> 302
<212> PRT
<213> B5HYX2: (Rare lipoprotein A from Streptomyces sviceus)

<400> 17

```
Met Val Gly Ser Thr Ala Gly Leu Val Val Thr Gly Leu Leu Val Cys
  1               5                  10                  15

Leu Ala Ile Ala Met Gln Pro Asp Arg Lys Asp Asp Ala Gly Arg Ala
             20                  25                  30
```

```
Ala Ala Thr Ala Val Ala Asp Ser Gln Glu Thr Gly Pro Ala Ser Ser
         35                  40                  45

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

Ser Leu Lys Ala Lys Ala Lys Lys Pro Lys Ala Ser Ala Ser Pro Ser
 65                  70                  75                  80

Ala Thr Lys Pro Ser Ser Ala Ser Pro Arg Lys Ala Thr Thr Thr Ser
                 85                  90                  95

Ser Leu Ala Gly Arg Ile Leu Gly Lys Val Thr Tyr Pro Gly Val Ala
            100                 105                 110

Thr Val Tyr Lys Ala Gly Val Gly Asp Gly Ala Cys Ser Tyr Gly Pro
        115                 120                 125

Ser Ser Asp Met Met Ile Ala Ala Met Asn Thr Thr Asp Tyr Glu Thr
    130                 135                 140

Ser Lys Ala Cys Gly Ala Tyr Val Phe Val Arg Ala Ala Asn Gly Asn
145                 150                 155                 160

Ser Val Thr Val Arg Ile Thr Asn Glu Cys Pro Leu Pro Cys Ala Pro
                165                 170                 175

Gly Gln Leu Asp Leu Ser Glu Gln Ala Phe Ala Lys Leu Ala Pro Val
            180                 185                 190

Ser Thr Gly Arg Leu Ala Val Thr Trp Ser Leu Val Ser Pro Ser Ser
        195                 200                 205

Val Gly Thr Ile Ser Ile Arg Tyr Lys Ile Gly Ser Ser Pro Tyr Trp
    210                 215                 220

Cys Gly Ile Gln Ala Ile Gly His Arg Asn Pro Leu Ala Arg Leu Glu
225                 230                 235                 240

Val Ser Thr Gly Gly Gly Trp Arg Gln Leu Ala Arg Thr Asp Tyr Asn
                245                 250                 255

Tyr Phe Leu Ser Pro Asp Gly Ser Gly Cys Gly Lys Ala Ile Arg Leu
```

260 265 270

Thr Asp Ile Tyr Gly Glu Gln Leu Thr Val Asn Gly Val Ala Leu Arg
275 280 285

Pro Asp Val Val Gln Ser Thr Gly Leu Gln Phe Ala Arg His
290 295 300

<210> 18
<211> 346
<212> PRT
<213> A9F5W0: (Putative uncharacterized protein from Sorangium cellulosum)

<400> 18
Met Lys Leu Gly Ser Met Pro Arg Gly Ile Ser Trp Pro Leu Val Ser
1 5 10 15

Leu Ile Ala Leu Gly Val Ala Gly Cys Ser Asp Gly Gly Gly Gly Asp
20 25 30

Ala Gly Ser Ala Glu Ser Ala Ser Ser Ala Ala Gly Gly Pro Gly Gly
35 40 45

Ala Gly Ala Val Gly Ala Ser Ala Ser Ala Gly Thr Gly Ala Gly Gly
50 55 60

Gly Asp Gly Val Thr Thr Gly Ala Gly Ala Gly Pro Gly Ser Ser Thr
65 70 75 80

Thr Ala Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ser Gly Gly Gly Gly Asp Pro Ser
85 90 95

Ala Thr Ser Thr Gly Ala Ser Thr Ser Thr Gly Thr Gly Ser Gln Pro
100 105 110

Val Ser Cys Asp Tyr Pro Ala Glu Tyr Ala Asn Gly Ser Ile Thr Phe
115 120 125

Tyr Thr Leu Asp Met Gly Ser Thr Glu Val Asn Cys Ser Tyr Pro Ile
130 135 140

Val Gly Arg Asn Pro Asp Val Val Gly His Val Pro Phe Gly Gly Gly

145 150 155 160

Gln Tyr Phe Ala Ala Met Asn Thr Ala Asp Tyr Asn Ala Ala Ala Met
165 170 175

Cys Gly Ala Cys Val Glu Val Ser Arg Asp Asp Gly Arg Lys Lys Val
180 185 190

Gln Ala Met Val Val Asp Gln Cys Pro Ile Ala Thr Asn Pro Lys Cys
195 200 205

Lys Ala Gly His Ile Asp Leu Ser Lys Asn Ala Phe Leu Gln Ile Gly
210 215 220

Glu Glu Arg Glu Gly Tyr Leu Gly Thr Thr Asn Gly Gly Ala Ala Gly
225 230 235 240

Lys Ile Ser Trp Arg Tyr Ile Pro Cys Pro Thr Thr Ser Ala Val Ser
245 250 255

Phe Arg Leu Lys Asp Ala Ser Asn Lys Tyr Trp Asn Glu Ile Leu Val
260 265 270

Glu Gly His Ala His Pro Ile Glu Lys Leu Glu Val Glu Ile Asn Gly
275 280 285

Thr Trp Gln Thr Ala Thr Arg Gln Ser Tyr Asn Tyr Phe Thr Val Gly
290 295 300

Asp Gly Asn Met Gly Asn Ala Pro Tyr His Val Arg Ala Thr Asp Ile
305 310 315 320

Asn Gly Ser Thr Val Glu Ala Met Leu Glu Leu Lys Ala Gly Asn Gln
325 330 335

Pro Ala Ser Gly Gln Phe Ala Ala Cys Asn
340 345

<210> 19
<211> 438
<212> PRT
<213> A9FSQ7: (Putative uncharacterized protein from Sorangium cellulosum)

<400> 19

Met Arg Leu Gly Ala Tyr Arg Ser Ala Val Ala Leu Ser Phe Leu Gly
1 5 10 15

Leu Val Ala Ala Ala Cys Thr Val Ala Thr Gly Gly Glu Glu Glu Ala
20 25 30

Asp Ala Leu Tyr Gly Ala Val Val Thr Thr Asp Gly Leu Thr Pro Ala
35 40 45

Ala Leu Thr Met Pro Ser Asp Trp Gly Ser Gly Tyr Cys Ala Asn Val
50 55 60

Ile Val Ala Asn Asp Gly Thr Ala Pro Val Thr Ser Trp Thr Val Val
65 70 75 80

Ile Asn Leu Asn Gln Ala Ala Val Ser Ser Trp Trp Asn Ala Ala Ser
85 90 95

Ser Gln Ser Gly Ser Thr Leu Thr Val Ser Pro Arg Ser Gly Ser Pro
100 105 110

Ser Ile Pro Val Gly Ser Ser Val Ser Phe Gly Phe Cys Ala Asn Ala
115 120 125

Thr Gly Ser Asn Tyr Arg Pro Thr Leu Val Ser Val Thr Lys Thr Gly
130 135 140

Gly Gly Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser
145 150 155 160

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Gly Ser Thr Gly Ser
165 170 175

Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ala Gly Gly Ser Gly Gly Ser
180 185 190

Gly Gly Ser Thr Gly Ala Gly Gly Ser Ser Ala Thr Cys Ser Ile Pro
195 200 205

Leu Pro Ser Tyr Thr Ser Gly Asn Gly Ser Ala Thr Trp Tyr Ser Leu
210 215 220

Asp Gln Gly Thr Ala Gln Val Asn Cys Ser Leu Pro Ile Gln Gln Arg

225 230 235 240

Asn Pro Asp Ser Ile Gly His Val Ala Thr Gly Gly Gly Arg Tyr Phe
245 250 255

Ala Ala Leu Asn Thr Ala Asp Tyr Asn Thr Ala Ala Ala Cys Gly Ala
260 265 270

Cys Val Glu Val Ser Arg Asp Asp Gly Arg Lys Val Val Ala Thr Val
275 280 285

Val Asp Gln Cys Pro Thr Ala Ser Asn Pro Lys Cys Lys Ala Gly His
290 295 300

Ile Asp Leu Ser Lys Glu Ala Phe Ala Gln Ile Gly Ala Leu Asp Glu
305 310 315 320

Gly Tyr Leu Gly Thr Gly Asn Gly Gly Val Arg Gly Lys Ile Ser Trp
325 330 335

Lys Tyr Val Pro Cys Pro Val Glu Glu Asn Val Ser Ile Val Leu Lys
340 345 350

Glu Pro Gly Asn Ala Trp Trp Asn Glu Leu Arg Val Gln Gly His Arg
355 360 365

Thr Pro Val Arg Lys Leu Glu Val Tyr Val Gly Gly Arg Trp Thr Glu
370 375 380

Ala Thr Arg Gln Pro Tyr Asn Tyr Trp Arg Val Gly Ser Gly Asn Met
385 390 395 400

Gly Gln Gly Pro Trp Arg Val Arg Val Thr Asp Val Leu Gly Lys Thr
405 410 415

Ile Glu Thr Ser Ile Asn Thr Thr Thr Ala Glu Gln Leu Thr Ser Ser
420 425 430

Gln Phe Pro Val Cys Gln
435

<210> 20
<211> 243
<212> PRT

<213> Q08V48: (Cellulase from Stigmatella aurantiaca)

<400> 20

```
Met Arg Phe Gly Lys Ala Phe Ser Ser His Ala Leu Leu Val Ala Gly
  1               5                  10                  15

Val Leu Ala Leu Thr Ala Cys Ser Asp Asn Gly Asp Gly Asp Gly Asp
             20                  25                  30

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Asp Val Gly
         35                  40                  45

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

Gly Asp Gly Ser Cys Ser Phe Gly Pro Pro Val Gly Glu Lys Phe Val
 65                  70                  75                  80

Ala Ala Leu Ser Ser Thr Glu Phe Leu Gly Ala Ala Val Cys Gly Ala
                 85                  90                  95

Cys Ala Glu Val Ser Gly Pro Asn Gly Lys Val Val Ala Arg Val Val
            100                 105                 110

Asp Ile Cys Asp Ser Cys Ala Pro Asp Gln Met Leu Leu Ser Gln Glu
        115                 120                 125

Ala Tyr Ser Lys Val Ala Ser Gly Gly Glu Val Lys Met Ser Trp Lys
    130                 135                 140

Leu Val Ala Cys Ser Val Glu Gly Pro Ile Arg Tyr His Ile Lys Asp
145                 150                 155                 160

Gly Ser Gly Pro Tyr Ser Tyr Phe Ala Ile Gln Val Arg Asn His Lys
                165                 170                 175

Val Pro Ile Lys Ser Leu Glu Val Met Arg Gly Ser Asn Trp Glu Thr
            180                 185                 190

Leu Thr Arg Glu Asn Tyr Asn Tyr Phe Val Gly Asn Ala Leu Gly Phe
        195                 200                 205

Pro Pro Leu Gln Val Arg Val Thr Gly Thr Thr Gly Glu Val Leu Glu
```

210 215 220

Asp Thr Leu Asn Ser Ile Asp Gly Asp Ala Leu Gln Pro Gly Lys Ala
225 230 235 240

Gln Phe Lys

<210> 21
<211> 298
<212> PRT
<213> A6GCR8: (Putative lipoprotein from Plesiocystis pacifica SIR-1)

<400> 21
Met Ser Pro Ala Arg Ser Ile Ala Leu Leu Ser Leu Thr Leu Val Ser
1 5 10 15

Leu Phe Gly Cys Ala Glu Glu Pro Ser Glu Glu Gly Ser Thr Gly Gly
20 25 30

Ala Thr Leu Gly Phe Pro Asp Thr Gly Asp Glu Ala Asp Thr Thr Thr
35 40 45

Ala Gly Glu Ser Ser Glu Gly Glu Ala Ser Ser Gly Glu Ser Gly Ser
50 55 60

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Thr Ser Gly Glu Ala Ser Ser Gly Asp Thr
65 70 75 80

Ala Ser Glu Thr Ser Gly Gly Gln Gly Ser Cys Gly Pro Ala Gln Val
85 90 95

Phe Glu Gly Gln Ala Thr Trp Tyr Glu Leu Ala Thr Asp Leu Val Asn
100 105 110

Cys Ser Tyr Pro Thr Gly Thr Leu Pro Gln Phe Tyr Gly Ala Leu Asn
115 120 125

Thr Ala Gln Tyr Ala Asp Ala Ala Met Cys Gly Ala Cys Ala Arg Val
130 135 140

Thr Gly Pro Lys Gly Ser Val Asp Ile Gln Ile Val Asp Gln Cys Pro
145 150 155 160

```
Ile Ala Thr Asn Pro Ile Cys Tyr Glu Gly His Ile Asp Leu Asn Pro
                165                 170                 175

Pro Ala Phe Glu Gln Ile Gly Glu Ile Ile Asp Gly Ile Ile Pro Ile
            180                 185                 190

Thr Trp Glu Leu Ile Ser Cys Asp Asp Pro Gly Thr Ile Ala Tyr Ser
        195                 200                 205

Phe Lys Glu Gly Ser Ser Gln Trp Trp Thr Gly Val Leu Val Arg Asn
    210                 215                 220

His Arg Asn Pro Ile Ala Lys Phe Glu Tyr Asp Thr Gly Gly Gly Asn
225                 230                 235                 240

Phe Lys Ala Val Pro Arg Glu Gly Tyr Asn Phe Phe Val Asp Pro Asp
                245                 250                 255

Gly Phe Gly Thr Gly Pro Phe Thr Phe Arg Val Thr Asp Ile His Gly
            260                 265                 270

His Val Ile Thr Asp Val Asp Ile Pro Leu Gln Leu Gly Asp Pro Val
        275                 280                 285

Val Gly Gly Ser Gln Phe Pro Ala Cys Asp
    290                 295
```

<210> 22
<211> 243
<212> PRT
<213> Q098B5: (YoaJ from Stigmatella aurantiaca DW4/3-1)

```
<400>    22
Met Arg Ala Leu Pro Leu Val Ser Leu Arg His Leu Thr Ala Val Gly
  1               5                  10                  15

Met Leu Gly Leu Thr Ala Cys Ser Ser Ser Glu Pro Asp Asp Ser Gly
             20                  25                  30

Phe Thr Asn Asp Pro Glu Gly Glu Val Arg Ala Leu Gly Glu Phe Arg
         35                  40                  45
```

```
Gln Gly Ile Ala Thr Trp Tyr Asn Ala Thr Gly Glu Gly His Cys Gly
     50                  55                  60

Tyr Asp Ala Ser Pro Lys Asp Met Asp Val Ala Ala Met Asn Ala Pro
 65                  70                  75                  80

Gln Phe Ala Asn Ser Ala Val Cys Gly Ser Cys Ala Glu Val Glu Gly
                 85                  90                  95

Pro Lys Gly Thr Val Arg Val Arg Ile Val Asp Ser Cys Pro Glu Cys
            100                 105                 110

Gly Pro Gly His Leu Asp Leu Ser Glu Gln Ala Phe Ala Lys Ile Ala
        115                 120                 125

Ala Val Ala Asp Gly Arg Val Gln Thr Arg Trp Arg Pro Val Thr Cys
    130                 135                 140

Ala Val Ser Gly Pro Val Arg Tyr Arg Phe Lys Glu Gly Ser Ser Gln
145                 150                 155                 160

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

Leu Glu Trp Gln Arg Glu Asn Gly Ala Trp Val Asp Met Gln Arg Gln
            180                 185                 190

Asp Tyr Asn Tyr Phe Leu Ala Ser Pro Gly Val Asp Thr Ala Thr Thr
        195                 200                 205

Lys Leu Arg Val Thr Ala Ser Asp Gly Gln Val Leu Glu Asp Thr Leu
    210                 215                 220

Pro Arg Val Glu Glu Lys Lys Val Phe Asp Gly Ala Glu Gln Phe Ser
225                 230                 235                 240

Leu Lys Lys
```

<210> 23
<211> 233
<212> PRT
<213> Q1D6G0: (Putative lipoprotein from Myxococcus xanthus)

<400> 23

```
Met Ala Met His Pro Leu Arg Ser Lys Ser Arg Arg Phe Leu Leu Pro
  1               5                  10                  15

Val Ala Ala Val Phe Val Ala Cys Gly Gly Cys Ser Asp Asp Pro Ser
             20                  25                  30

Gly Gly Gly Ala Pro Leu Gly Glu Glu Gln Gln Gly Ile Ala Thr Phe
         35                  40                  45

Tyr Asn Ala Thr Gly Ser Gly Asn Cys Ser Tyr Glu Pro Thr Gly Asp
     50                  55                  60

Leu Met Val Ala Ala Met Asn Thr Pro Gln Tyr Ala Asn Ser Ala Ala
 65                  70                  75                  80

Cys Gly Gln Cys Val Asp Ile Thr Gly Pro Lys Gly Ser Val Arg Val
                 85                  90                  95

Arg Ile Val Asp Arg Cys Pro Glu Cys Glu Ser Gly His Leu Asp Leu
            100                 105                 110

Ser Arg Glu Ala Phe Ala Arg Ile Ala Glu Met Gln Gln Gly Arg Val
        115                 120                 125

Asn Ile Thr Trp Thr Pro Val Ser Cys Asp Val Ala Gly Asn Ile Glu
    130                 135                 140

Tyr His Phe Lys Asn Gly Ser Asn Pro Trp Trp Thr Ala Ile Gln Val
145                 150                 155                 160

Arg Asn His Arg Leu Pro Ile Gln Lys Leu Glu Trp Arg Arg Gly Thr
                165                 170                 175

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

Leu Ser Gly Met Gly Asp Gly Pro Phe Ser Val Arg Val Thr Ala Val
        195                 200                 205

Asp Gly Gln Gln Leu Glu Asp Thr Leu Asp Arg Val Leu Asp Asn Arg
    210                 215                 220
```

Ser Ala Glu Gly Ser Gly Gln Phe Arg
225 230

<210> 24
<211> 254
<212> PRT
<213> B1Y0F2: (Rare lipoprotein A from Leptothrix cholodnii)

<400> 24
Met Arg Arg His Pro Arg Arg Phe Pro His Arg Met Leu Asp Leu Glu
1 5 10 15

Ser Ala Leu Lys Arg Leu Ala Cys Leu Cys Thr Leu Ala Gly Leu Ala
20 25 30

Ala Cys Gly Gly Gly Ser Pro Leu Ala Ala Ala Ser Pro Thr Val Asp
35 40 45

Thr Asp Gly Gly Gly Thr Gly Ala Thr Leu Gly Ala Thr Arg Gln Gly
50 55 60

Glu Gly Thr Tyr Tyr Ala Ala Thr Gly Ala Gly Ala Cys Ser Tyr Asp
65 70 75 80

Ala Ser Ala Asp Arg Met Val Ala Ala Met Asn His Thr Asp Tyr Ala
85 90 95

Gly Ser Ala Ala Cys Gly Glu His Val Arg Val Thr Gly Pro Leu Gly
100 105 110

Thr Val Thr Val Arg Ile Val Asp Glu Cys Pro Glu Cys Ala Pro Gly
115 120 125

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

Ala Gly Arg Val Pro Ile Thr Trp Gln Val Val Thr Gly Ala Val Ser
145 150 155 160

Gly Pro Val Gln Tyr Arg Tyr Lys Glu Gly Ser Thr Arg Tyr Trp Thr
165 170 175

```
Ala Ile Gln Val Arg Asn His Pro Val Pro Ile Ala Arg Leu Glu Ile
            180                 185                 190

Gln Pro Asp Gly Thr Gly Asn Trp Ile Ala Val Pro Arg Thr Asp Tyr
        195                 200                 205

Asn Tyr Phe Val His Pro Val Ala Ile Gly Ala Gly Ala Leu Gln Val
    210                 215                 220

Arg Val Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Leu Ile Asp Arg Leu Pro Gln
225                 230                 235                 240

Pro Gln Gly Gly Leu Val Val Asp Gly Thr Gly Gln Phe Gln
                245                 250
```

<210> 25
<211> 1512
<212> PRT
<213> A5UTY9: (Putative uncharacterized protein from Roseiflexus sp.)

<400> 25

```
Met Pro Ala Arg Phe Arg Phe Leu Arg Tyr Val Leu Ile Val Val Leu
  1               5                  10                  15

Leu Val Val Ser Ile Pro Leu Leu Ser Ala Pro Gly His Ser Ser Phe
             20                  25                  30

Ile Glu Arg Met Thr Thr Pro Pro Ala Ala Ile Ala Gln Ser Ala Ala
         35                  40                  45

Pro Val Gly Pro Gln Pro Gly Asp Val Phe Arg Gln Phe Gln Asp Asp
     50                  55                  60

Leu Asn Ser Arg Gln Thr Ser Val Cys Asn Ser Ser Pro Ala Asn Cys
 65                  70                  75                  80

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

Ala Asn Ala Val Arg Ala Glu Ala Val Phe Glu Tyr Trp Gly Gly His
            100                 105                 110

Leu Ala Ser Thr Gln Gln Glu Phe Asn Val Asn Gly Gly Pro Trp Thr
```

```
        115                 120                 125

Pro Tyr Pro Asp Ile Gln Gly Ile Pro Pro Asp Thr Leu Pro Thr Cys
    130                 135                 140

Tyr Phe Arg Ala Pro Thr Asn Ala Ile Ala Pro Leu Pro Leu Ser Gly
145                 150                 155                 160

Thr Gly Gly Val Arg Pro Pro Gly Ser Thr Gly Ser Thr Val Thr Val
                165                 170                 175

Asn Tyr Arg Tyr Arg Ile Gly Pro Gln Arg Ser Leu Pro Gln Cys Ala
            180                 185                 190

Ser Gly Thr Asn Phe Tyr Trp Gly Asn Met Trp Ile Tyr Glu Val Thr
        195                 200                 205

Thr Arg Ile Tyr Tyr Asn Ser Thr Ile Pro Arg Pro Asp Gly Ala Ile
    210                 215                 220

Thr Ser Pro Thr Asp Gly Ala Thr Ile Thr Glu Asn Arg Ser Ala Asn
225                 230                 235                 240

Gln Phe Pro Arg Ile Thr Val Arg Ala Gln Ala Ser Thr Gly Arg Ser
                245                 250                 255

Ile Ala Arg Val Asp Leu Ile Gly Asn Tyr Leu Asp Tyr Asp Trp Asp
            260                 265                 270

Gly Asp Gly Ile Leu Arg Glu Trp His Tyr Ala Leu Arg His Gly Val
        275                 280                 285

Trp Glu Arg Thr Ile Gly Thr Ser Thr Ser Pro Ser Arg Gly Thr Ala
    290                 295                 300

Thr Ser Gly Glu Tyr Asp Phe Thr Trp Asn Thr Glu Trp Ile Pro Asp
305                 310                 315                 320

Gln Asp Gln Pro Val Gln Leu Met Ala Arg Ile Thr Asp Asn Thr Gly
                325                 330                 335

Val Ser Tyr Met Thr Glu Ala Val Thr Val Thr Phe Asn Arg Val Gly
            340                 345                 350
```

```
Arg Ser Val Arg Met Tyr Thr Thr Trp Ser Asp Tyr Tyr Gly Gln Arg
        355                 360                 365

Val Phe Gly Pro Pro Arg Asn Phe Gly Phe Asn Thr Tyr Ser Gln Pro
    370                 375                 380

Arg Ile Gly Lys Thr Ala Phe Ile Ser Ile Pro Asp Pro Leu Thr Asn
385                 390                 395                 400

Ala Thr Arg Ala Arg Val Ile Leu Tyr Ser Trp Ser Gly Arg Ser Ser
                405                 410                 415

Thr Ala Leu Ser Thr Thr Val Ala Ile Asn Ala Phe Ser Val Trp Ser
            420                 425                 430

Gly Asn Ser Phe Gly Ile Phe His Asp Tyr Asn Phe Asp Thr Arg Asp
        435                 440                 445

Leu Asn Asn Pro Arg Asp Phe Leu Asn Gln Gly Asp Asn Ile Leu Arg
    450                 455                 460

Ile Trp Ser Asn Arg Thr Asp His Ala Leu Glu Val Leu Trp Pro Gly
465                 470                 475                 480

Pro Ala Ile Phe Val Glu Tyr Ser Ala Pro Pro Glu Thr Pro Val Leu
                485                 490                 495

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

Phe Thr Leu Pro Val Ser Asn Gln Ala Arg Ala Ala Leu Gln Tyr Thr
        515                 520                 525

Ile Leu Thr Pro Pro Ala Leu Gly Thr Leu Arg Gly Ile Ala Pro Asn
    530                 535                 540

Leu Thr Tyr Ile Pro Asn Pro Asp Val Asn Gly Ser Asp Ser Phe Val
545                 550                 555                 560

Phe Arg Val Asp Asp Gln Tyr Gly Arg Ser Ala Thr Ala Thr Val Ala
                565                 570                 575

Ile Asn Ile Gln Ala Val Asp Asp Pro Pro Glu Ile Thr Leu Gly Gly
            580                 585                 590
```

Gly Ala Leu Leu Asn Pro Asp Asp Val Leu Asp Arg Ser Gly Arg Val
595 600 605

Arg Asp Pro Asp Ser Ser Ser Leu Thr Ala Thr Val Asp Tyr Gly Asp
610 615 620

Gly Arg Gly Glu Gln Pro Leu Ser Leu Gly Ala Asp Gly Ser Phe Arg
625 630 635 640

Leu Ile Tyr Arg Tyr Arg Asn Gly Gly Arg Phe Pro Leu Thr Val Arg
645 650 655

Val Ser Asp Gly Ala Gln Thr Ser Val Ala Thr Val Leu Val Thr Val
660 665 670

Ile Thr Pro Gly Thr Pro Pro Pro Pro Gly Asp Trp Ser Leu Thr Gly
675 680 685

Trp Arg Tyr Arg Val Pro Leu Glu Ala Arg Ser Gly Ala Tyr Pro Arg
690 695 700

Val Asp His Val Ala Glu Phe Asp Val Asn Phe Thr Thr Ala Leu Ser
705 710 715 720

Gln Ala Gly Gly Ser Gly Ala Leu Leu Arg Glu Ser Ile Arg Val Val
725 730 735

Glu Val Asp Ala Gly Gly Asn Val Ile Asp Pro Asn Val Val Tyr Gln
740 745 750

Phe Asp Pro Val Ser Ala Tyr Asn Pro Thr Thr Asn Ala Arg Gly Thr
755 760 765

Leu Leu Val Leu Leu Arg Gly Arg Thr Glu Ala Asn Thr Thr Arg Arg
770 775 780

Phe Tyr Val Tyr Phe Glu Thr Gln Gly Arg Phe Ala Pro Pro Thr Phe
785 790 795 800

Thr Pro Leu Thr Val Val Val Thr Pro Thr Leu Ile Tyr Gln Arg Asp
805 810 815

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

820 825 830

Thr Phe Tyr Tyr Ser Leu Asn Gly Gly Ala Leu Ile Ser Met Phe Asp
835 840 845

Arg Ser Asn Ala Asp Trp Ile Ser Tyr Asn Pro Ala Ala Asp Ser Ala
850 855 860

Gly Ala Tyr Arg Gly Ile Pro Asn Val Gly Pro Val Phe His Pro Gly
865 870 875 880

Tyr Tyr Asn Val Phe Pro Ile Pro Ser Ala Ser Gly Pro Leu Gln Gly
885 890 895

Asn Glu Pro Gly Thr Asn Gln Arg Ser Ser Thr Thr Ile Glu Arg Glu
900 905 910

Gly Thr Leu Arg Thr Ile Val Arg Ser Val Ser Ser Asn Gly Gln Trp
915 920 925

Glu Ala Val Trp Glu Phe Phe Pro Asn Ser Val Arg Met Leu Val Leu
930 935 940

Pro Arg Glu Pro Arg Gly Ser Asn Pro Phe Leu Tyr Trp Trp Leu Tyr
945 950 955 960

Glu Gly Thr Pro Gly Gly Thr Leu Asn Glu Gly Asp Arg Trp Val Arg
965 970 975

Gly Asp Gly Leu Ser Gly Ile Ala Val Asp Pro Ser Phe Ser Phe Asn
980 985 990

Glu Arg Phe His Ala Asp Ile Asn Gly Pro Glu Trp Val Tyr Phe Arg
995 1000 1005

Ala Gly Glu Pro Ser Gln Gly Gly Arg Ala Leu Trp Leu Ala His His
1010 1015 1020

Asp Asp Thr Asp Thr Thr Ile Glu Met Tyr Arg Tyr Gln Asn Asp Ser
1025 1030 1035 1040

Ser Gly Trp Gln Asn Gly Met Thr Val Phe Gly Phe Gly Arg Arg Glu
1045 1050 1055

Trp Asp Gly Ser Ser Gln Thr Leu Arg Pro Glu Leu Arg Asn Gln Arg
1060 1065 1070

Arg Phe Ser Leu Gly Phe Ile Asp Asn Ala Pro Leu Thr Phe Asp Ser
1075 1080 1085

Ala Val Gly Arg Glu Ile Glu Gly Arg Tyr Arg Asp Leu Ala Ala Thr
1090 1095 1100

Val Gly Arg Gly Glu Arg Leu Ala Pro Asn Leu Ala Pro Trp Ala Pro
1105 1110 1115 1120

Gly Glu Thr Tyr Ser Val Arg Pro Gly Gln Thr Leu Asn Val Pro Ala
1125 1130 1135

Pro Gly Val Arg Ala Asn Asp Ser Asp Gly Asp Gly Asp Pro Phe Gln
1140 1145 1150

Val Thr Leu Thr Gly Glu Pro Gln Asn Gly Thr Leu Thr Phe Asn Ser
1155 1160 1165

Asp Gly Ser Phe Ile Tyr Val Pro Asn Glu Gly Phe Val Gly Ala Asp
1170 1175 1180

Val Phe Thr Tyr Thr Ala Ser Asp Gly Arg Leu Ser Ala Pro Pro Thr
1185 1190 1195 1200

Thr Val Thr Ile Leu Val Ser Pro Asn Gln Pro Pro Thr Ala Arg Gly
1205 1210 1215

Ser Ser Ala Thr Thr Thr Asn Leu Arg Pro Leu Thr Val Pro Ala Pro
1220 1225 1230

Gly Val Leu Glu Gly Ala Ser Asp Pro Asp Gly Asp Pro Leu Thr Ala
1235 1240 1245

Val Leu Ile Ser Pro Pro Ala Gly Gly Thr Leu Asn Leu Asn Pro Asp
1250 1255 1260

Gly Ser Tyr Thr Tyr Thr Pro Arg Ser Asp Phe Ile Gly Glu Asp Val
1265 1270 1275 1280

Phe Gln Ile Ala Ala Ser Asp Gly Glu Ala Gln Ser Ala Pro Val Glu
1285 1290 1295

Val Arg Ile Thr Val Arg Lys Glu Asn Arg Pro Pro Thr Ala Arg Gly
1300 1305 1310

Ser Ser Ala Thr Thr Thr Asn Leu Arg Pro Leu Thr Val Pro Ala Pro
1315 1320 1325

Gly Val Leu Glu Gly Ala Ser Asp Pro Asp Gly Asp Pro Leu Thr Ala
1330 1335 1340

Val Leu Ile Ser Pro Pro Ala Gly Gly Thr Leu Ser Leu Asn Pro Asp
1345 1350 1355 1360

Gly Ser Tyr Thr Tyr Thr Pro Arg Ser Asp Phe Ile Gly Glu Asp Val
1365 1370 1375

Phe Gln Ile Ala Ala Ser Asp Gly Glu Ala Gln Ser Ala Pro Val Glu
1380 1385 1390

Val Arg Ile Thr Val Arg Lys Glu Asn Arg Pro Pro Thr Ala Arg Gly
1395 1400 1405

Ser Ser Ala Thr Thr Thr Asn Leu Arg Pro Leu Thr Val Pro Ala Pro
1410 1415 1420

Gly Val Leu Glu Gly Ala Ser Asp Pro Asp Gly Asp Pro Leu Thr Ala
1425 1430 1435 1440

Val Leu Ile Ser Ser Pro Ala Gly Gly Thr Leu Ser Leu Asn Pro Asp
1445 1450 1455

Gly Ser Tyr Thr Tyr Thr Pro Arg Ser Asp Phe Ile Gly Glu Asp Val
1460 1465 1470

Phe Gln Ile Ala Ala Ser Asp Gly Glu Ala Gln Ser Ala Pro Val Glu
1475 1480 1485

Val Arg Ile Thr Val Thr Arg Glu Val Ala Ser Thr Pro Glu Tyr Arg
1490 1495 1500

Val Phe Leu Pro Leu Leu Val Arg
1505 1510

<210> 26
<211> 237
<212> PRT
<213> A7NLJ9: (Rare lipoprotein A from Roseiflexus castenholzii)

<400> 26
Met Pro Leu Arg Ile Leu Ala Phe Ala Gly Val Cys Leu Leu Leu Ala
1 5 10 15

Gly Ile Ile Pro Val Val Arg Ala Gln Asn Asp Thr His Thr Val Tyr
20 25 30

Leu Pro Leu Val Val Arg Asp Ala Gln Tyr Arg Thr Gly Glu Gly Thr
35 40 45

Tyr Tyr Ala Ala Asp Gly Thr Gly Asn Cys Met Phe Asp Pro Ser Pro
50 55 60

His Asp Leu Met Val Ala Ala Met Asn His Ile Asp Tyr Asp Asn Ala
65 70 75 80

Ala Leu Cys Gly Ala Phe Ile Glu Val Ile Gly Pro Lys Gly Ser Val
85 90 95

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

Asp Met Ser Pro Gln Ala Phe Glu Arg Ile Ala Asp Leu Ser Ala Gly
115 120 125

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

Ile Ala Tyr Arg Phe Lys Glu Gly Ser Asn Gln Trp Trp Thr Ala Val
145 150 155 160

Gln Ile Arg Asn His Arg Asn Pro Val Ala Arg Phe Glu Tyr Leu Arg
165 170 175

Ala Asp Gly Gln Trp Gln Thr Val Pro Arg Gln Met Tyr Asn Tyr Phe
180 185 190

Val Ala Ser Ser Gly Met Gly Pro Gly Pro Tyr Thr Phe Arg Val Thr
195 200 205

Asp Met Tyr Gly Asn Val Leu Thr Asp Thr Asp Ile Pro Phe Val Glu
210 215 220

Gly Gly Val Ile Asn Gly Ala Ala Gln Phe Pro Pro Pro
225 230 235

<210> 27
<211> 258
<212> PRT
<213> A9WC79: (Rare lipoprotein A from Chloroflexus aurantiacus)

<400> 27
Met Gln Trp Ser Ala Gly Arg Leu Gln Ile Ala Leu Val Ile Cys Leu
1 5 10 15

Thr Gly Phe Phe Trp Leu Ile Ala Asn Pro Val Phe Thr Gln Pro Pro
20 25 30

Tyr Arg Val His Leu Pro Leu Val Val Arg Pro Ala Gln Asn Pro Leu
35 40 45

Leu Ser Gly Glu Ala Thr Phe Tyr Leu Glu Ala Asp Gly Ser Gly Ser
50 55 60

Cys Leu Phe Asp Pro Ile Pro Gly Asp Lys Met Val Ala Ala Ile Ser
65 70 75 80

Tyr Leu Asn Tyr Gly Asn Ala Asp Tyr Cys Gly Ala Tyr Val Glu Val
85 90 95

Phe Gly Pro Gln Gly Ser Val Val Val Arg Ile Val Asp Met Cys Pro
100 105 110

Asp Asn Pro Gly Cys Gly Gln Asn His Leu Asp Leu Ser Pro Glu Ala
115 120 125

Phe Asp Arg Ile Ala Pro Arg Ala Trp Gly Arg Val Pro Ile Thr Trp
130 135 140

Arg Val Ile Ser Pro Pro Leu Ser Gly Pro Val Gln Phe His Leu Lys
145 150 155 160

```
Asp Gly Ser Asn Pro Trp Trp Leu Ala Phe Gln Val Arg His His Arg
                165                 170                 175

Asn Pro Ile Ala Arg Met Glu Tyr Arg Thr Pro Gln Gly Gln Trp Val
            180                 185                 190

Gln Leu Asn Arg Thr Thr Tyr Asn Tyr Phe Ile Arg Gln Cys Gln Cys
        195                 200                 205

Ala Asn Gly Glu Leu Gly Pro Phe Thr Leu Arg Ile Thr Asp Ile Tyr
    210                 215                 220

Gly Asn Val Leu Thr Glu Thr Val Gln Phe Thr Thr Leu Ser Arg Ser
225                 230                 235                 240

Ser Asn Ser Pro Gly Glu Leu Val Ser Gly Thr Gly Gln Phe Pro Tyr
                245                 250                 255

Gly Pro
```

<210> 28
<211> 477
<212> PRT
<213> A9B7T3: (Coagulation factor 5/8 type domain protein from Herpetosiphon aurantiacus)

<400> 28

```
Met Ala Trp Arg Lys Gly Thr Phe Phe Ser Phe Gly Leu Ile Leu Ser
  1               5                  10                  15

Leu Leu Leu Thr Ser Ala Leu Phe Val Ala Gln Gly Ser Ala Gln Arg
             20                  25                  30

Met Gln Thr Ile Ala Asp Pro Trp Ala Leu Arg Ser Gly Arg Ala Thr
         35                  40                  45

Phe Tyr Asp Pro Thr Val Gly Met Gly Asn Cys Ser Leu Pro Val Pro
     50                  55                  60

Ser Asp Met Leu Leu Ala Ala Met Asn Thr Thr Asp Tyr Gly Leu Ala
 65                  70                  75                  80

Asp Tyr Cys Gly Ala Tyr Val Thr Val Asn Gly Pro Arg Gly Ser Val
```

85 90 95

Thr Val Lys Ile Ile Asp Arg Cys Pro Gly Cys Val Val Gly Gly Ile
100 105 110

Asp Leu Ser Pro Gln Ala Phe Glu Arg Ile Ala Ala Leu Glu Ala Gly
115 120 125

Asn Val Pro Ile Thr Trp Gln Leu Ile Ser Ala Pro Asn Val Ser Gly
130 135 140

Asn Val Ile Tyr Asn Tyr Lys Glu Gly Ser Ser Gln Trp Trp Ala Gly
145 150 155 160

Val Gln Val Arg Asn His Arg Asn Ala Ile Ala Lys Phe Glu Tyr Arg
165 170 175

Asn Pro Gln Gly Ile Phe Gln Asn Val Asp Arg Val Gln Tyr Asn Tyr
180 185 190

Phe Leu Val Pro Gly Gly Met Gly Thr Gly Pro Phe Thr Phe Arg Leu
195 200 205

Thr Asp Val Tyr Gly Asn Val Phe Thr Asp Asn Thr Ile Pro Leu Arg
210 215 220

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

Pro Gly Ser Thr Pro Thr Ala Ser Pro Thr Arg Thr Ala Ser Pro Thr
245 250 255

Val Val Ser Pro Thr Thr Arg Pro Asp Gln Thr Ile Met Asn Ala Ser
260 265 270

Ser Thr Glu Ala Gly Gly Ser Thr His Tyr Ala Leu Asp Gly Asn Leu
275 280 285

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

Tyr Ile Gly Leu Pro Arg Val Thr Pro Ile Ser Gly Ile Lys Leu Asp
305 310 315 320

```
Ala Gly Ser Ser Gly Gly Asp Tyr Pro Ala Gly Phe Ile Val Gln Thr
               325                 330                 335

Arg Asp Asp Thr Ser Asp Trp Ala Thr Val Ala Thr Gly Ser Gly Ser
           340                 345                 350

Ser Gln Ile Thr Thr Ile Asn Phe Ala Ala Arg Asn Ala Arg Tyr Val
       355                 360                 365

Arg Ile Glu Leu Thr Ala Arg Ser Ala Asn Trp Trp Ser Ile His Glu
   370                 375                 380

Leu Thr Val Ile Phe Ala Ala Gln Pro Ala Thr Leu Thr Pro Thr Ile
385                 390                 395                 400

Leu Pro Pro Thr Asn Thr Ile Val Pro Ala Thr Val Thr Pro Thr Leu
               405                 410                 415

Val Pro Thr Met Ala Pro Pro Pro Leu Thr Ala Thr Pro Thr Leu Ser
           420                 425                 430

Ala Trp Gln Ala Tyr Thr Asn Tyr Ser Val Gly Ser Leu Val Gln His
       435                 440                 445

Asn Gly Ile Asn Tyr Arg Cys Ile Gln Ala His Thr Ser Leu Pro Gly
   450                 455                 460

Trp Glu Pro Gln Ile Val Pro Ala Leu Trp Gln Pro Leu
465                 470                 475
```

<210> 29
<211> 273
<212> PRT
<213> A9B0R8: (Rare lipoprotein A from Herpetosiphon aurantiacus)

```
<400> 29
Met Leu Val Arg Thr His Ala Val Arg Trp Leu Leu Phe Val Ser Leu
  1               5                  10                  15

Phe Met Val Ile Phe Gly Ser Tyr Ala Trp Gln Gln Gln Ser Phe Ala
             20                  25                  30

Gln Asn Pro Ala Thr Ile Thr Asn Pro Trp Ala Ile Arg Gln Gly Gln
```

```
          35                  40                  45

Ala Thr Tyr Tyr Thr Ala Thr Gly Leu Gly Asn Cys Ser Ile Pro Val
     50                  55                  60

Pro Ser Asp Leu Leu Phe Gly Ala Met Asn Asn Pro Asp Tyr Ala Thr
 65                  70                  75                  80

Ala Asp Tyr Cys Gly Ala Phe Val Lys Ile Thr Gly Pro Leu Gly Ser
                 85                  90                  95

Val Thr Val Gln Ile Thr Asp Arg Cys Pro Glu Cys Gln Thr Gly His
            100                 105                 110

Ile Asp Leu Ser Pro Gln Ala Phe Asp Arg Ile Ala Asn Arg Val Thr
        115                 120                 125

Gly Ile Val Pro Ile Thr Trp Gln Leu Ile Ser Asn Pro Ala Thr Thr
    130                 135                 140

Gly Lys Val Ser Tyr His Phe Lys Asp Gly Ser Ser Gln Trp Trp Thr
145                 150                 155                 160

Ala Val Gln Pro Arg Asn His Arg Asn Ala Ile Ala Lys Phe Glu Tyr
                165                 170                 175

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

Tyr Phe Ile Ala Glu Ala Gly Met Gly Thr Gly Pro Tyr Ser Phe Arg
        195                 200                 205

Thr Thr Asp Val Tyr Gly Asn Met Ile Val Asp Glu Asn Ile Val Leu
    210                 215                 220

Gly Asp Asp Val Ile Arg Thr Gly Thr Gln Gln Phe Pro Tyr Met Ala
225                 230                 235                 240

Pro Pro Gly Ser Ala Thr Pro Thr Pro Ser Pro Thr Pro Arg Pro Thr
                245                 250                 255

Ile Pro Pro Glu Ser Leu Thr Glu His Val Trp Leu Pro Tyr Thr Arg
            260                 265                 270
```

Lys

<210> 30
<211> 243
<212> PRT
<213> HcEXLX=Q2SG15: (Endoglucanase C-terminal domain/subunit from Hahella chejuensis)

<400> 30
Met Ser Lys Leu Thr Phe Leu Ile Ile Gly Ser Ile Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15

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

Ser Ala Ala Leu His Glu Gly Glu Gly Thr Tyr Tyr Phe Tyr Asn Gly
35 40 45

Gly Gly His Cys Ser Val Pro Val Pro Ala Met Phe Thr Ala Ala Met
50 55 60

Asn Gln Thr Asp Tyr Asn Gly Ser Gln Ala Cys Gly Gly Cys Val Lys
65 70 75 80

Val Thr Asn Arg Asn Asn Gly Lys Ser Val Val Ala Arg Val Asp Asp
85 90 95

Ser Cys Pro Gly Cys Asn Pro Gly Asp Val Asp Leu Thr Asp Ala Ala
100 105 110

Phe Ala Gln Ile Ser Pro Leu Glu Ala Gly Arg Ile Pro Ile Ser Trp
115 120 125

Asp Tyr Val Pro Cys Asp Tyr Pro Ser Val Leu Leu Tyr Phe Met Glu
130 135 140

Gly Ser Ser Gln Trp Trp Thr Ala Val Gln Val Arg Glu Gln Arg Tyr
145 150 155 160

Pro Val Ser Ser Leu Ala Tyr Arg Glu Ser Gly Ser Thr Gly Ser Tyr
165 170 175

Gln Glu Ile Ala Arg Glu Asp Tyr Asn Tyr Phe Val Glu Arg Ser Gly

180 185 190

Met Gly Thr Gly Pro Phe Asp Phe Arg Ile Thr Asp Ile Tyr Gly His
195 200 205

Val Leu Glu Ala Gly Asn Ile Thr Leu Gln Ser Gly Val Pro Ile Asn
210 215 220

Thr Gln Gln Gln Phe Pro Ser Met Gly Thr Ser Gly Val Ile Asn Gln
225 230 235 240

Ala Asp Lys

<210> 31
<211> 351
<212> PRT
<213> A1TSL6: (Rare lipoprotein A from Acidovorax avenae subsp)

<400> 31
Met Ala Met Val Ala Met Arg Arg Thr Thr Leu Glu Gly Ser Met Pro
1 5 10 15

Lys Ser Leu Leu Ser Val Phe Gly Arg Arg Cys Ala Leu Ala Trp Gly
20 25 30

Trp Leu Ala Leu Ala Val Ala Leu Pro Val Ala Ala Gln Gly Thr Pro
35 40 45

Gly Glu Thr Tyr Thr Gly Arg Gly Thr Phe Tyr Gly Tyr Asp Gly Gly
50 55 60

Gly Asn Cys Ser Leu Pro Phe Pro Glu His Val Leu Thr Val Ala Ile
65 70 75 80

Asn Asp Ser Asp Tyr Gln Gly Ser Gln Ala Cys Gly Ala Tyr Leu Glu
85 90 95

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

Arg Cys Pro Asp Cys Pro Pro His Gly Leu Asp Leu Ala Ile Pro Ala
115 120 125

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

Arg Tyr Val Ser Gly Pro Asp Thr Pro Ala Ser Val Val Phe Lys Glu
145                 150                 155                 160

Gly Ser Ser Ala Ser Trp Ser Ala Leu Gln Val Arg Asn Gln Arg Asn
                165                 170                 175

Ala Val Ala Ser Leu Ala Tyr Arg Ala Ser Gly Ser Gly Gly Thr Tyr
            180                 185                 190

Val Pro Leu Glu Arg Gln Met Tyr Asn Tyr Phe Leu Ala Pro Gly Gly
        195                 200                 205

Met Gly Pro Gly Pro Phe Asp Leu Lys Ile Thr Asp Val Phe Gly Gln
    210                 215                 220

Val Leu Glu Val Ser Gly Val Pro Leu Ser Val Gly Pro Glu Leu Ser
225                 230                 235                 240

Leu Gly Val Gln Phe Pro Pro Val Leu Pro Ala Ala Gly Ser Ala Trp
                245                 250                 255

Ser Val Gln Asp Ser Glu Pro Pro Ala Pro Ala Thr Gly Pro Val Thr
            260                 265                 270

Tyr Ala Thr Ser Phe Asn Ser Asp Trp Gly Gln Gly Tyr Cys Met Asn
        275                 280                 285

Val Thr Val Thr Asn Pro His Ala Gly Pro Val Asp Trp Ala Val Arg
    290                 295                 300

Ile Pro Val Ser Gly Thr Val Tyr Asn Ala Trp Asp Ser Gln Val Thr
305                 310                 315                 320

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

Leu Gln Pro Gly Ala Ser Ala Gln Phe Gly Phe Cys Ala Asn Arg
            340                 345                 350
```

<210> 32
<211> 727
<212> PRT
<213> Q9AF65: (Cellulase CelA from Clavibacter michiganensis subsp. sepedonicus)

<400> 32
Met Thr Val Arg Gln Val Ser Val Pro Leu Val Ser Lys Leu Phe Leu
1 5 10 15

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

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

Gly Trp Leu His Thr Ala Gly Gly Lys Ile Val Thr Ala Ser Gly Ala
50 55 60

Pro Tyr Thr Ile Arg Gly Ile Ala Trp Phe Gly Met Glu Thr Ser Ser
65 70 75 80

Cys Ala Pro His Gly Leu Asp Thr Ile Thr Leu Ala Gly Gly Met Gln
85 90 95

His Ile Lys Gln Leu Gly Phe Thr Thr Val Arg Leu Pro Phe Ser Asn
100 105 110

Gln Cys Leu Ala Ala Ser Gly Val Thr Gly Val Asp Ala Asp Pro Ser
115 120 125

Leu Ala Gly Leu Thr Pro Leu Gln Val Met Asp His Val Val Ala Ser
130 135 140

Ala Lys Ala Ala Gly Leu Asp Val Ile Leu Asp Gln His Arg Pro Asp
145 150 155 160

Ser Gly Gly Gln Ser Glu Leu Trp Tyr Thr Ser Glu Tyr Pro Glu Ser
165 170 175

Arg Trp Ile Ser Asp Trp Arg Met Leu Ala Lys Arg Tyr Ala Ser Asp
180 185 190

```
Pro Thr Val Ile Gly Val Asp Leu His Asn Glu Pro His Gly Ala Ala
        195                 200                 205

Thr Trp Gly Thr Gly Ala Ala Thr Thr Asp Trp Arg Ala Ala Ala Glu
    210                 215                 220

Arg Gly Gly Asn Ala Val Leu Ala Glu Asn Pro Lys Leu Leu Val Leu
225                 230                 235                 240

Val Glu Gly Ile Asp His Gln Ala Asp Gly Thr Gly Thr Trp Trp Gly
                245                 250                 255

Gly Ala Leu Asp Ser Ala Ala Thr Ala Ser Val Arg Leu Thr Val Ala
            260                 265                 270

Asn Arg Val Val Tyr Ser Pro His Asp Tyr Pro Ser Thr Ile Tyr Gly
        275                 280                 285

Gln Pro Trp Phe Ser Ala Ser Asn Tyr Pro Thr Asn Leu Pro Gly Ile
    290                 295                 300

Trp Asp Ala His Trp Gly Tyr Leu Ala Lys Lys Asp Ile Ala Pro Val
305                 310                 315                 320

Leu Val Gly Glu Phe Gly Thr Lys Leu Glu Thr Ala Ser Asp Lys Gln
                325                 330                 335

Trp Leu Asn Thr Leu Val Gly Tyr Leu Ser Ser Thr Gly Ile Ser Ser
            340                 345                 350

Ser Phe Trp Ala Phe Asn Pro Asp Ser Gly Asp Thr Gly Gly Ile Val
        355                 360                 365

Lys Ser Asp Trp Val Thr Pro Glu Gln Ala Lys Leu Asp Ala Leu Ala
    370                 375                 380

Pro Ile Leu His Pro Ala Pro Gly Ala Gly Pro Gly Ser Ser Gly Ser
385                 390                 395                 400

Gly Ser Gln Pro Gly Pro Ala Lys Pro Gly Ala Val Ser Val Lys Trp
                405                 410                 415

Gln Pro Gly Gly Ser Trp Ala Ser Gly Tyr Val Ala Asn Leu Asp Val
            420                 425                 430
```

Thr Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Trp Thr Val Ser Trp Ala Ser Pro
435 440 445

Lys Thr Thr Ser Val Val Asn Ser Trp Gly Met Arg Cys Ser Val Ala
450 455 460

Ser Asn Thr Val Thr Cys Thr Ser Thr Asp Trp Ala Ser Lys Leu Ala
465 470 475 480

Ala Gly Gln Thr Val Arg Val Gly Val Gln Leu Ala Gly Gly Pro Ala
485 490 495

Pro Ala Ser Pro Arg Ile Ser Val Thr Ala Ala Gly Thr Pro Pro Ser
500 505 510

Gln Ala Thr Pro Pro Ser Gln Ala Thr Pro Pro Ser Gln Ala Thr Thr
515 520 525

His Gly Arg Ala Thr His Tyr Ser Leu Gly Thr Gly Asn Thr Ile Ala
530 535 540

Asn Gly Asn Cys Ser Met Pro Ala Val Pro Ala Asp Arg Met Tyr Val
545 550 555 560

Ala Val Ser Ser Pro Glu Tyr Gly Gly Ala Ala Ala Cys Gly Ser His
565 570 575

Leu Leu Val Thr Gly Pro Lys Gly Thr Val Arg Val Gln Ile Val Asp
580 585 590

Gln Cys His Glu Cys Glu Ile Gly His Leu Asp Leu Ser Glu Glu Ala
595 600 605

Phe Arg Ala Ile Gly Asp Phe Asp Ala Gly Ile Ile Pro Ile Ser Tyr
610 615 620

Thr Thr Val Arg Asp Pro Ser Val Pro Ala Val Ala Val Arg Val Lys
625 630 635 640

Glu Gly Ser Ser Arg Trp Trp Ala Gly Leu Gln Ile Leu Asn Ala Gly
645 650 655

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

660 665 670

Leu Ser Arg Thr Asp Tyr Gly Tyr Trp Val Thr Pro Ser Pro Ile Pro
675 680 685

Asp Gly Pro Met Thr Val Arg Val Thr Asp Gln Tyr Gly Arg Ser Val
690 695 700

Val Leu Pro Gly Ile Arg Ile Ala Pro Gly Glu Thr Gln Ser Thr Ala
705 710 715 720

Arg Arg Ile Tyr Gln Met His
725

<210> 33
<211> 746
<212> PRT
<213> A5CLK3: (Cellulase from Clavibacter michiganensis subsp. michiganensis)

<400> 33
Met Arg Lys Ala Ser Val Glu Val Val Phe Ser Ala Ala Gly Trp Leu
1 5 10 15

Pro Tyr Asp Pro Tyr Met Thr Phe Arg Gln Val Arg Ala Ser Leu Val
20 25 30

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

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

Ala Ala Ser Ser Pro Gly Trp Leu His Thr Ala Gly Gly Lys Ile Val
65 70 75 80

Thr Ala Ser Gly Ala Pro Tyr Thr Ile Arg Gly Ile Ala Trp Phe Gly
85 90 95

Met Glu Thr Ser Ser Cys Ala Pro His Gly Leu Asp Thr Ile Thr Leu
100 105 110

Ala Gly Gly Met Gln His Ile Lys Gln Met Gly Phe Thr Thr Val Arg
115 120 125

Leu Pro Phe Ser Asn Gln Cys Leu Ala Ala Ser Gly Val Thr Gly Val
130 135 140

Ser Ala Asp Pro Ser Leu Ala Gly Leu Thr Pro Leu Gln Val Met Asp
145 150 155 160

His Val Val Ala Ser Ala Lys Ser Ala Gly Leu Asp Val Ile Leu Asp
165 170 175

Gln His Arg Pro Asp Ser Gly Gly Gln Ser Glu Leu Trp Tyr Thr Ser
180 185 190

Gln Tyr Pro Glu Ser Arg Trp Ile Ser Asp Trp Arg Met Leu Ala Lys
195 200 205

Arg Tyr Ala Ala Glu Pro Thr Val Ile Gly Val Asp Leu His Asn Glu
210 215 220

Pro His Gly Ala Ala Thr Trp Gly Thr Gly Ala Ala Thr Thr Asp Trp
225 230 235 240

Arg Ala Ala Ala Glu Arg Gly Gly Asn Ala Val Leu Ala Glu Asn Pro
245 250 255

Asn Leu Leu Val Leu Val Glu Gly Ile Asp His Glu Ala Asp Gly Ser
260 265 270

Gly Thr Trp Trp Gly Gly Ala Leu Gly Leu Val Gly Asn Ala Pro Val
275 280 285

Arg Leu Ser Val Ala Asn Arg Val Val Tyr Ser Pro His Asp Tyr Pro
290 295 300

Ser Thr Ile Tyr Gly Gln Ser Trp Phe Ser Ala Ser Asn Tyr Pro Ala
305 310 315 320

Asn Leu Pro Gly Ile Trp Asp Ala His Trp Gly Tyr Leu Ala Lys Lys
325 330 335

Asp Ile Ala Pro Val Leu Val Gly Glu Phe Gly Thr Lys Phe Glu Thr
340 345 350

Thr Ser Asp Lys Gln Trp Leu Asn Thr Leu Val Gly Tyr Leu Ser Ser

355 360 365

Thr Gly Ile Ser Ser Ser Phe Trp Ala Phe Asn Pro Asn Ser Gly Asp
370 375 380

Thr Gly Gly Ile Val Lys Ser Asp Trp Val Thr Pro Glu Gln Ala Lys
385 390 395 400

Leu Asp Ala Leu Ala Pro Ile Leu His Pro Ser Pro Gly Ser Gly Pro
405 410 415

Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Gln Pro Ala Pro Gln Pro Asp Pro Ala
420 425 430

Asn Pro Gly Ala Val Ser Ala Lys Trp Gln Pro Gly Ser Ser Trp Ala
435 440 445

Ser Gly Tyr Val Ala Asn Ile Asp Val Thr Ala Thr Ala Ala Val Thr
450 455 460

Gly Trp Thr Val Ser Trp Ala Ser Pro Gly Thr Thr Arg Val Val Asn
465 470 475 480

Ser Trp Gly Met Arg Cys Ser Val Ala Ser Gly Thr Val Ser Cys Thr
485 490 495

Gly Thr Asp Trp Ala Ser Lys Leu Ala Ala Gly Gln Thr Val His Val
500 505 510

Gly Leu Gln Ala Ser Gly Gly Pro Ala Pro Ser Ser Pro Arg Leu Thr
515 520 525

Ala Thr Ala Ala Ala Val Pro Pro Ala Gln Pro Thr Pro Pro Ala Arg
530 535 540

Pro Thr Thr His Gly Arg Ala Thr His Tyr Ser Leu Gly Gln Gly Asn
545 550 555 560

Thr Ile Ala Asn Gly Asn Cys Ser Met Pro Ala Val Pro Ala Asp Arg
565 570 575

Met Tyr Val Ala Val Ser Ser Pro Glu Tyr Ser Gly Ala Ala Ala Cys
580 585 590

```
Gly Thr Phe Leu Asp Val Thr Gly Pro Lys Gly Thr Val Arg Val Gln
        595                 600                 605

Val Ala Asp Gln Cys His Gly Cys Glu Val Gly His Leu Asp Leu Ser
    610                 615                 620

Glu Glu Ala Phe Arg Ala Leu Gly Asp Phe Asn Ala Gly Ile Ile Pro
625                 630                 635                 640

Ile Ser Tyr Val Thr Val Arg Asp Pro Ala Gly Pro Thr Val Ala Ile
                645                 650                 655

Arg Val Lys Glu Gly Ser Ser Arg Trp Trp Ala Gly Leu Gln Val Leu
            660                 665                 670

Asn Ala Gly Asn Arg Ile Asp Arg Val Glu Ile Gln Ala Gly Arg Gln
        675                 680                 685

Trp Leu Pro Leu Thr Arg Thr Asp Tyr Gly Tyr Trp Val Thr Pro Ser
    690                 695                 700

Pro Ile Gln Asp Gly Pro Leu Thr Val Lys Val Thr Asp Gln Tyr Gly
705                 710                 715                 720

Arg Ala Val Val Leu Pro Gly Leu Arg Met Ala Pro Gly Glu Ile Gln
                725                 730                 735

Arg Thr Ala Ser Arg Phe Tyr Pro Val His
            740                 745
```

<210> 34
<211> 253
<212> PRT
<213> A5CR21: (Putative expansin from Clavibacter michiganensis subsp. michiganensis)

<400> 34

```
Met Thr Arg Ala Ser Ala Leu Pro Gly Arg Pro Arg Ala Pro Arg Arg
  1               5                  10                  15

Pro Phe Thr Ala Ala Arg Arg Arg Ile Leu Ser Ala Ala Leu Ala Val
             20                  25                  30

Leu Val Ala Val Ala Gly Pro Ala Met Ala Ala Ser Ala Ala Ser Ala
```

```
          35                  40                  45

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

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

Ala Ile Pro Lys Asp Arg Leu Tyr Val Ala Val Gly Pro Asp Leu Tyr
                 85                  90                  95

Ala Gly Gly Ala Gly Cys Gly Ser Tyr Phe Asp Val Thr Gly Pro His
            100                 105                 110

Gly Thr Val Arg Val Glu Val Ala Asp Ser Cys His Glu Cys Val His
        115                 120                 125

Gly His Leu Asp Leu Ser Glu Glu Ala Phe Arg Ala Ile Gly Asp Tyr
    130                 135                 140

Asp Ala Gly Ile Ile Thr Thr Ser Tyr Val Pro Val Ala Ala Ser Thr
145                 150                 155                 160

Val Pro Pro Leu Ser Phe Arg Phe Lys Asp Gly Ser Ser Ala Tyr Trp
                165                 170                 175

Ala Ala Leu Gln Val Leu Asp Ala Gly Val Arg Leu Arg Ser Val Glu
            180                 185                 190

Leu Trp Val Gly Ala Arg Trp Val Pro Leu Ser Leu Thr Asp Tyr Gly
        195                 200                 205

Tyr Trp Leu Ala Pro Gly Tyr Val Gly Ala Gly Pro Phe Thr Val Arg
    210                 215                 220

Val Thr Asp Thr Thr Gly Arg Thr Ala Thr Val Gln Gly Ile Val Leu
225                 230                 235                 240

Asp Pro Met Arg Leu Gln His Thr Ala Ser Arg Leu Arg
                245                 250
```

<210> 35
<211> 232
<212> PRT

<213> 034918: (BsEXLX1=Expansin-yoaJ from Bacillus subtilis)

<400> 35

```
Met Lys Lys Ile Met Ser Ala Phe Val Gly Met Val Leu Leu Thr Ile
  1               5                  10                  15

Phe Cys Phe Ser Pro Gln Ala Ser Ala Ala Tyr Asp Asp Leu His Glu
             20                  25                  30

Gly Tyr Ala Thr Tyr Thr Gly Ser Gly Tyr Ser Gly Gly Ala Phe Leu
         35                  40                  45

Leu Asp Pro Ile Pro Ser Asp Met Glu Ile Thr Ala Ile Asn Pro Ala
     50                  55                  60

Asp Leu Asn Tyr Gly Gly Val Lys Ala Ala Leu Ala Gly Ser Tyr Leu
 65                  70                  75                  80

Glu Val Glu Gly Pro Lys Gly Lys Thr Thr Val Tyr Val Thr Asp Leu
                 85                  90                  95

Tyr Pro Glu Gly Ala Arg Gly Ala Leu Asp Leu Ser Pro Asn Ala Phe
            100                 105                 110

Arg Lys Ile Gly Asn Met Lys Asp Gly Lys Ile Asn Ile Lys Trp Arg
        115                 120                 125

Val Val Lys Ala Pro Ile Thr Gly Asn Phe Thr Tyr Arg Ile Lys Glu
    130                 135                 140

Gly Ser Ser Arg Trp Trp Ala Ala Ile Gln Val Arg Asn His Lys Tyr
145                 150                 155                 160

Pro Val Met Lys Met Glu Tyr Glu Lys Asp Gly Lys Trp Ile Asn Met
                165                 170                 175

Glu Lys Met Asp Tyr Asn His Phe Val Ser Thr Asn Leu Gly Thr Gly
            180                 185                 190

Ser Leu Lys Val Arg Met Thr Asp Ile Arg Gly Lys Val Val Lys Asp
        195                 200                 205

Thr Ile Pro Lys Leu Pro Glu Ser Gly Thr Ser Lys Ala Tyr Thr Val
```

210 215 220

Pro Gly His Val Gln Phe Pro Glu
225 230

<210> 36
<211> 220
<212> PRT
<213> B4ALC5: (YoaJ from Bacillus pumilus)

<400> 36
Met Leu Ser Phe Ala Val Pro Asn Met Lys Ala Ala Ser Val Leu Asp
1 5 10 15

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

Gly Ala Ala Leu Leu Asp Pro Ile Pro Ser Asp Met Lys Ile Thr Ala
35 40 45

Leu Asn Pro His Asp Tyr Asn Tyr Lys Gly Ile Asn Ala Ala Leu Ala
50 55 60

Gly Ala Tyr Leu Glu Val Lys Gly Pro Lys Gly Lys Thr Val Val Tyr
65 70 75 80

Val Thr Asp Lys Tyr Pro Glu Gly Ala Lys Gly Ala Leu Asp Leu Ser
85 90 95

His Asn Ala Phe Ala Lys Ile Gly Asn Met Ala Asp Gly Lys Ile Pro
100 105 110

Ile Ser Trp Lys Ile Val Lys Ala Pro Ile Ser Gly Asn Val Val Tyr
115 120 125

Arg Ile Lys Glu Gly Ser Ser Lys Trp Trp Ala Ala Ile Gln Val Arg
130 135 140

Asn His Lys Tyr Pro Ile Met Lys Met Glu Tyr Tyr Lys Asp Gly Gln
145 150 155 160

Trp Val Asn Met Glu Lys Thr Asp Tyr Asn His Phe Leu Gly Phe Asn
165 170 175

```
Met Gly Ser Lys Ser Leu Pro Val Arg Ile Thr Asp Ile Arg Gly Val
            180                 185                 190

Ile Val Lys Asp Lys Leu Pro Ala Leu Pro Ser Thr Ala Ala Ser Gln
        195                 200                 205

Ala Tyr Thr Val Lys Gly Asn Val Gln Leu Pro Asn
    210                 215                 220
```

<210> 37
<211> 666
<212> PRT
<213> BORNG4: (Glycosidase from Xanthomonas campestris)

<400> 37

```
Met Thr Ser Glu Gln Met Pro Ser Leu Ala Glu Arg Ala Leu His Gly
  1               5                  10                  15

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

Ala Asp Gly Gln Pro Gly Leu Trp His Ala Gly Thr Ala Ser Arg Ala
         35                  40                  45

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

His Ala Thr Val His Asn Thr Leu Gln Lys Thr Ser Met Pro Ser His
 65                  70                  75                  80

Ile His Phe Leu Ile Ala Leu Ala Thr Leu Ile Pro Val Thr Ala Pro
                 85                  90                  95

Ala Met Gln Val Ser Thr Gln Ala Pro Leu Val Asp Ala Thr Gly Gln
            100                 105                 110

Thr Leu His Ile Arg Gly Val Thr Trp Pro Gly Phe Asp Arg Ala Gly
        115                 120                 125

Leu Ala Ala Val Gly Met Arg Asn Asn Thr Leu Ala Gln Leu Leu Asp
    130                 135                 140
```

```
Arg Met Gln Ala Ser Asp Ile Asn Ala Val Arg Val Pro Val Cys Ala
145                 150                 155                 160

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

Ser Thr Leu Arg Gly Leu Asp Ser Leu Gln Leu Leu Asp Ala Val Val
            180                 185                 190

His Ala Ala Ser Gln Arg Gly Met Gln Val Met Phe Ala Phe Ala Asp
        195                 200                 205

Gly Gly Cys Asp Asp Arg Ala Pro Leu Leu Gly Ala Gln Gln Gln Ala
    210                 215                 220

Trp Thr Arg Gly Leu Val Thr Leu Ala Arg Arg Tyr Gly Gly Asn Ala
225                 230                 235                 240

Asn Val Leu Gly Ile Asp Leu Gly Ser Ser Gly Tyr Arg Asn Ala Ser
                245                 250                 255

Trp Ala Gly Asn Ala Ala Asp Gln Asp Trp Asn Arg Val Ala Ser Arg
            260                 265                 270

Ala Val Ala Arg Val Leu Ala Gln Ala Pro Arg Trp Val Val Gly Val
        275                 280                 285

Glu Gly Val Gly Ser Asn Ala Val Cys Ser Asp Pro Glu Arg Lys Ala
    290                 295                 300

Pro Gly Ser Asn Leu Gln Pro Phe Ala Cys Val Pro Leu Asp Ile Ala
305                 310                 315                 320

Arg Arg His Leu Val Leu Met Pro Lys Leu Ala Gly Pro Asp Arg Asp
                325                 330                 335

Thr Thr Asp Ala Phe Ala Ala Pro Gly Phe Ala Gln Ala Leu Pro Ala
            340                 345                 350

Met Trp Gln Arg Asp Phe Gly Gln Phe Ala Ile Asp His Ala Val Val
        355                 360                 365

Pro Val Ser Leu Gly Gly Gly Leu Gly Asp Gly Asp Pro Arg Asp Pro
    370                 375                 380
```

```
Ala Trp Gln Thr Ala Leu Ser Gly Tyr Leu Ala Asn Ala Gly Ile Arg
385                 390                 395                 400

Ser Ala Phe Leu Gly Ser Trp Glu Thr Gly Asn Ala Asn Asn Gly Gly
                405                 410                 415

Leu Leu Ala Pro Asp Gly Ser Pro Arg Ala Asp Lys Leu Leu Ile Leu
            420                 425                 430

Arg His Ala Trp Gly Arg Leu Pro Val Met Pro Ala Ile Ala Thr Ala
        435                 440                 445

Thr Gly Asp Ser Thr Lys Asn Ala Ser Gly Lys Lys Pro Trp Asn Ser
    450                 455                 460

Thr Phe Thr Gly Thr Ala Thr Val Thr Gly Ser Gly Tyr Ser Gly Gly
465                 470                 475                 480

Ala Leu Leu Leu Asp Pro Ile Pro Ser Asp Ala Phe Ile Thr Ala Leu
                485                 490                 495

Asn Pro Val Gln Leu Asn Phe Gly Gly Val Lys Ala Ala Leu Ala Gly
            500                 505                 510

Ala Tyr Leu Gln Val Asn Gly Pro Lys Gly Thr Thr Thr Val Tyr Val
        515                 520                 525

Thr Asp Leu Tyr Pro Glu Gly Ala Ser Gly Gly Leu Asp Leu Ser His
    530                 535                 540

Asn Ala Phe Ala Ala Ile Gly Asp Met Val Gln Gly Arg Ile Pro Ile
545                 550                 555                 560

Ser Trp Lys Val Val Arg Ala Pro Val Thr Gly Asn Leu Gln Tyr Arg
                565                 570                 575

Ile Lys Glu Gly Ser Ser Arg Trp Trp Ala Ala Ile Gln Val Arg Asn
            580                 585                 590

His Ala Tyr Pro Val Val Lys Leu Glu Val Lys Gln Gly Ser Thr Trp
        595                 600                 605

Lys Asn Leu Gln Lys Met Asp Tyr Asn His Phe Leu Gly Glu Gln Leu
```

610 615 620

Gly Asn Gln Pro Leu Thr Leu Arg Ile Thr Asp Ile Arg Gly Lys Val
625 630 635 640

Leu Thr Asp Thr Leu Pro Arg Leu Pro Glu Asp Gly Ser Lys Pro Ala
645 650 655

Tyr Phe Glu Pro Gly His Val Gln Phe Pro
660 665

<210> 38
<211> 590
<212> PRT
<213> Q2NYR6: (Cellulase from Xanthomonas oryzae)

<400> 38
Met Leu Ser His Ile His Phe Leu Ile Ala Leu Ala Thr Leu Val Pro
1 5 10 15

Val Thr Ala Pro Ala Met Gln Val Ser Thr Gln Ala Pro Leu Val Asp
20 25 30

Ala Thr Gly Gln Thr Leu His Ile Arg Gly Val Thr Trp Pro Gly Phe
35 40 45

Asp Arg Ala Gly Leu Thr Ala Val Gly Met Arg Asn Asn Thr Leu Ala
50 55 60

Gln Leu Leu Asp Arg Met Gln Ala Ser Asp Ile Asn Ala Val Arg Val
65 70 75 80

Pro Val Cys Ala Ala Val Leu Gln Arg Ala Pro Val Ala Ala Ala Glu
85 90 95

Val Ala Gly Asp Ser Thr Leu Arg Gly Leu Asp Ser Leu Gln Leu Leu
100 105 110

Asp Ala Val Val His Ala Ala Thr Gln Arg Gly Met His Val Met Phe
115 120 125

Ala Phe Ala Asp Gly Gly Cys Asp Asp Arg Ala Pro Leu Leu Gly Ala
130 135 140

```
Gln Gln Gln Ala Trp Thr Arg Gly Leu Val Thr Leu Ala Arg Arg Tyr
145                 150                 155                 160

Gly Gly Asn Ala Asn Val Leu Gly Ile Asp Leu Gly Ser Ser Gly Tyr
                165                 170                 175

Arg Asn Ala Ser Trp Ala Gly Asn Ala Ala Asp Gln Asn Trp Asn Arg
            180                 185                 190

Val Ala Ser Arg Ala Ala Ala Met Val Leu Ala Gln Ala Pro Arg Trp
        195                 200                 205

Val Val Gly Val Glu Gly Val Gly Ser Asn Ala Val Cys Ser Asp Pro
    210                 215                 220

Gly Arg Lys Ala Leu Gly Ser Asn Leu Gln Pro Phe Ala Cys Val Pro
225                 230                 235                 240

Leu Asp Ile Ala Pro Arg His Leu Val Leu Met Pro Lys Leu Ala Gly
                245                 250                 255

Pro Asp Arg Asp Thr Thr Asp Ala Phe Ala Ala Pro Gly Phe Ala Gln
            260                 265                 270

Ala Leu Pro Ala Met Trp Gln Arg Asp Phe Gly Gln Phe Ala Ile Asp
        275                 280                 285

His Thr Val Val Pro Val Ser Leu Gly Gly Gly Leu Gly Asp Gly Asp
    290                 295                 300

Pro Arg Asp Pro Ala Trp Gln Thr Ala Leu Ser Gly Tyr Leu Ala Asn
305                 310                 315                 320

Thr Gly Met Arg Ser Ala Phe Leu Gly Ser Trp Glu Thr Ser Asn Ala
                325                 330                 335

Asn Asn Gly Gly Leu Leu Ala Pro Asp Gly Ser Pro Arg Ala Asp Lys
            340                 345                 350

Leu Leu Ile Leu Arg His Ala Trp Gly Met Leu Pro Val Met Pro Ala
        355                 360                 365

Ile Ala Thr Ala Thr Gly Asp Ser Thr Glu Pro Ala Ile Gly Lys Asn
```

370 375 380

Ala Trp Asn Ser Thr Phe Thr Gly Thr Ala Thr Pro Thr Gly Ser Gly
385 390 395 400

Tyr Ser Gly Gly Ala Val Leu Leu Asp Pro Ile Pro Ser Asp Ala Phe
405 410 415

Ile Thr Ala Leu Asn Ser Thr Gln Met Asn Phe Gly Gly Ile Lys Ala
420 425 430

Ala Leu Ala Gly Ala Tyr Leu Glu Val Thr Gly Pro Lys Gly Lys Thr
435 440 445

Thr Val Tyr Val Thr Asp Leu Tyr Pro Asp Gly Ala Ser Gly Gly Leu
450 455 460

Asp Leu Ser Tyr Asn Ala Phe Ala Ala Ile Gly Asn Leu Ala Asp Gly
465 470 475 480

His Ile Pro Ile Ser Trp Lys Val Val Arg Ala Pro Ile Thr Gly Asn
485 490 495

Val Gln Tyr Arg Ile Lys Glu Gly Ser Ser Arg Tyr Trp Ala Ala Ile
500 505 510

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

Gly Ser Thr Trp Thr Ser Leu Pro Lys Thr Pro Tyr Asn His Phe Val
530 535 540

Gly Thr Asn Leu Gly Asn Lys Pro Leu Ser Ile Arg Ile Thr Asp Ile
545 550 555 560

Arg Gly Lys Val Ile Ala Asp Lys Ile Pro Ala Leu Pro Glu Tyr Gly
565 570 575

Gly Ser Ala Ala Tyr Phe Glu Pro Gly His Val Gln Phe Pro
580 585 590

<210> 39
<211> 274
<212> PRT

<213> B4SGD8: (Endoglucanase c-terminal domain harboring protein from Ralstonia solanacearum)

<400> 39

```
Met Ser Cys Phe Lys Lys Trp Gln Trp Ile Ala Ile Met Leu Leu Met
  1               5                  10                  15

Leu Pro Val Leu Ser Ala Arg Ala Asn Gly Gln Thr Thr Ala Ala Gly
             20                  25                  30

Asn Val Ala Ala Ala Gln Gly Ser Cys Leu Gly Thr Gly Thr Ala Ala
         35                  40                  45

Gly Asn Gly Ala Thr Thr Pro Ala Asn Ala Trp Asp Ser Thr Phe Thr
     50                  55                  60

Gly Ile Ala Thr Ala Thr Gly Ser Gly Tyr Ser Gly Gly Ala Phe Leu
 65                  70                  75                  80

Leu Asp Pro Ile Ala Lys Asp Ala Glu Ile Thr Ala Leu Asn Pro Val
                 85                  90                  95

Gln Ala Asn Leu Gly Gly Ile Arg Ala Ala Met Ala Gly Ala Tyr Leu
            100                 105                 110

Arg Val Gln Gly Pro Lys Gly Cys Thr Thr Val Tyr Val Thr Asp Leu
        115                 120                 125

Tyr Pro Glu Ala Ala Ser Gly Gly Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ala Phe
    130                 135                 140

Ser Lys Ile Gly Asp Leu Gln Gln Gly Arg Ile Pro Ile Arg Trp Lys
145                 150                 155                 160

Leu Ile Ala Ala Pro Val Thr Gly Asn Val Val Tyr Arg Ile Lys Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Thr Met Trp Trp Ala Ala Ile Gln Val Arg Asn His Thr Tyr
            180                 185                 190

Pro Val Val Lys Leu Glu Val Phe Gln Gly Lys Ala Trp Val Ser Leu
        195                 200                 205

Pro Lys Ala Asp Tyr Asn His Phe Val Gly Thr Gln Leu Gly Asp Lys
```

210 215 220

Pro Leu Val Ile Arg Ile Thr Asp Ile Arg Gly Arg Ile Leu Val Asp
225 230 235 240

Lys Leu Pro Pro Leu Leu Lys Asp Cys Thr Pro Lys Ser Ala Asn Gln
245 250 255

Pro Ser Pro Cys Ser Lys Pro Tyr Phe Val Gln Gly Asn Val Gln Phe
260 265 270

Pro Glu

<210> 40
<211> 256
<212> PRT
<213> Q8Y172:endoglucanase c-terminal domain harboring protein from Ralstonia solanacearum)

<400> 40
Met Leu Leu Ser Leu Ser Val Trp Ser Leu His Ala Asn Gly Gln Val
1 5 10 15

Val Ala Ala Asp Asn Ala Thr Ala Ala Gln Pro Ser Cys Leu Gly Thr
20 25 30

Gly Thr Thr Ala Pro Ala Asn Thr Trp Gly Ser Thr Phe Thr Gly Ile
35 40 45

Ala Thr Ala Thr Gly Ser Gly Tyr Ser Gly Gly Ala Phe Leu Leu Asp
50 55 60

Pro Ile Thr Lys Asp Arg Glu Ile Thr Ala Leu Asn Pro Ala Gln Ala
65 70 75 80

Asn Leu Gly Gly Ile Pro Ala Ala Met Ala Gly Ala Tyr Leu Arg Val
85 90 95

Gln Gly Pro Lys Gly Cys Thr Thr Val Tyr Val Thr Asp Leu Tyr Pro
100 105 110

Glu Ala Ala Ser Gly Gly Leu Asp Leu Ser Tyr Asn Ala Phe Ala Lys
115 120 125

```
Ile Gly Asp Leu Gln Gln Gly Arg Ile Pro Val Gln Trp Arg Leu Ile
    130                 135                 140

Pro Gly Pro Val Thr Gly Asn Val Val Tyr Arg Ile Lys Glu Gly Ser
145                 150                 155                 160

Thr Met Trp Trp Ala Ala Ile Gln Val Arg Asn His Thr Phe Pro Val
                165                 170                 175

Val Lys Leu Glu Val Phe Gln Gly Lys Ala Trp Val Ser Leu Pro Lys
            180                 185                 190

Ala Asp Tyr Asn His Phe Val Gly Thr Gln Leu Gly Asp Lys Pro Leu
        195                 200                 205

Val Ile Arg Ile Thr Asp Ile Arg Gly Arg Ile Leu Val Asp Lys Leu
    210                 215                 220

Pro Pro Leu Leu Lys Asp Cys Thr Pro Gln Lys Ala Gly Glu Ala Ser
225                 230                 235                 240

Pro Cys Ser Lys Pro Tyr Phe Val Gln Gly Lys Val Gln Phe Ser Glu
                245                 250                 255
```

<210> 41
<211> 584
<212> PRT
<213> B0U4Y6: (Extracellular endoglucanase from Xylella fastidiosa)

<400> 41

```
Met Arg Arg Leu Ala Ile Leu Phe Trp Leu Ala Thr Ser Gly Cys Val
  1               5                  10                  15

Ala Ser Ala Met Tyr Gly Gly Thr Val Asp Ala Gln Asn Ala Val Ser
             20                  25                  30

Asp Thr His Phe Val Glu Pro Leu Arg Gly Val Asn Trp Arg Gly Leu
         35                  40                  45

Glu Thr Ala Gln His Leu Pro Gln Gly Leu Asp Gln Arg Pro Trp Arg
```

```
     50                  55                  60

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

Pro Leu Cys Ser Asp Thr Leu His Gly Ala Met Pro Thr Asn Leu Asp
                 85                  90                  95

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

Asp Ala Ile Met Asp Glu Ala Gly Lys Arg Gly Met Arg Val Leu Leu
        115                 120                 125

Ala Tyr His Gly Val Glu Cys Pro Thr Asp Gly Asn Pro Leu Leu Arg
    130                 135                 140

Ser Val Asp Glu Ser Glu His Gln Trp Ile Ser Asp Met Gln Phe Ile
145                 150                 155                 160

Thr Ser His Tyr Arg Ala Gln Gln Lys Val Val Ile Gly Val Asp Leu
                165                 170                 175

Ala Asp Met Ala Tyr His Arg Pro Phe Gln Ser Gly Gly Asp Ser Thr
            180                 185                 190

Pro Asp Trp Asn Arg Val Val Glu Arg Ala Ala Ala Ala Ile Leu Ala
        195                 200                 205

Met Asn Pro Asp Trp Leu Ile Gly Val Gln Pro Val Gly Leu Asn Pro
    210                 215                 220

Pro Cys Leu Asp Ala Ser Ala Pro Ile Ser Asp Asp Asn Ile Lys Ser
225                 230                 235                 240

Gln His Cys Val Gln Leu Arg Ile Pro Ala Arg Asn Leu Leu Leu Met
                245                 250                 255

Pro Arg Phe Ala Gly Thr Asp Met Asp Thr Glu Ala Ala Leu Gly Ala
            260                 265                 270

Phe Ser Gly Lys Gln Thr Val Leu Pro Asn Ser Leu Asp Ala Thr Asp
        275                 280                 285
```

```
Ala Glu Gln Leu Ala His Arg Ile Asp Ala Leu Leu Ala Phe Gly Ile
    290                 295                 300

Arg Gln Gly Phe Tyr Gly Ser Trp Met Thr Ser Ala Gln Met Pro Phe
305                 310                 315                 320

Gly Leu Leu Asp Asn Asp Gly Arg Thr Pro Arg Thr Ala Leu Ile Ala
                325                 330                 335

Gln Leu His Arg Trp Trp Gly Val Ser Arg Val Asp Val Ala Ser Glu
            340                 345                 350

Asn Ala Ala Thr Lys Asn Gln Thr Thr Thr Asp Thr Asn Gly Cys Val
        355                 360                 365

Thr Gly Asp Ser Ser Val Pro Leu Asn Gly Trp Asp Thr Ser Phe Ser
    370                 375                 380

Gly Val Ala Thr Tyr Thr Tyr Thr Gly Tyr Lys Gly Gly Ala Leu Met
385                 390                 395                 400

Leu Asp Pro Ile Gln Ser His Val Gln Ile Thr Ala Leu Asn Pro Thr
                405                 410                 415

Gln Leu Asn Leu Gly Gly Ile Pro Ala Ala Met Ala Gly Ala Tyr Leu
            420                 425                 430

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

Tyr Pro Thr Gly Ser Ser Gly Gly Leu Asp Leu Ser Pro Asn Ala Phe
    450                 455                 460

Ala Ser Ile Gly Asn Met Ala Gln Gly Arg Ile Pro Val Gln Trp Lys
465                 470                 475                 480

Val Val Ser Ala Pro Val Ser Gly Asn Leu Ile Tyr Arg Val Lys Lys
                485                 490                 495

Gly Ser Ser Gly Trp Trp Ala Ala Ile Gln Val Arg Glu His Arg Tyr
            500                 505                 510

Pro Val Leu Lys Leu Glu Ile Cys Gln Asp Gly Thr Trp Leu Asn Leu
        515                 520                 525
```

```
Pro Lys Arg Asn Tyr Asn Tyr Phe Val Gly Thr Arg Leu Gly Asn Gln
    530                 535                 540

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

Thr Leu Pro Ala Leu Pro Lys Lys Ala Ser Ser Lys Ala Tyr Ser Val
                565                 570                 575

Asn Gly Asn Val Gln Phe Ser Glu
            580
```

<210> 42
<211> 374
<212> PRT
<213> Q21HD6: (Putative xylanase from Saccharophagus degradans)

<400> 42

```
Met Asn Cys Thr Arg Arg Asn Ile Val Lys Ala Gly Leu Leu Gly Ser
  1               5                  10                  15

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

Thr Lys Phe Arg Asp Gln Phe Tyr Val Gly Thr Ala Val Ser Ala Arg
         35                  40                  45

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

Phe Asn Ala Leu Thr Ala Glu Asn Ala Met Lys Pro Ala Leu Leu Gln
 65                  70                  75                  80

Pro Gln Met Gly Glu Trp Arg Trp Gln Asp Ala Asp Ala Ile Val Arg
                85                  90                  95

Phe Ala Glu Gln His Gln Met Leu Met His Gly His Thr Leu Val Trp
            100                 105                 110

His Ser Gln Thr Pro Asp Trp Phe Phe Gln Asn Lys Gln Gly Glu Pro
        115                 120                 125
```

```
Ala Asp Lys Ala Thr Leu Tyr Arg Arg Gln Glu Glu Tyr Ile Asn Ala
    130                 135                 140

Val Val Gly Arg Tyr Lys Gly Arg Val His Ser Trp Asp Val Val Asn
145                 150                 155                 160

Glu Ala Glu Asp Glu Gly Lys Gly Trp Arg Lys Ser His Trp Tyr Asn
                165                 170                 175

Ile Cys Gly Pro Glu Phe Met Glu Arg Ala Phe Arg Leu Ala His Ala
            180                 185                 190

Ala Asp Pro Lys Ala His Leu Cys Tyr Asn Asp Tyr Asn Met His Leu
        195                 200                 205

Pro Gln Lys Arg Glu Phe Leu Val Lys Leu Phe Lys Asp Tyr Ile Lys
    210                 215                 220

Arg Gly Val Pro Ile His Gly Val Gly Leu Gln Gly His Val Gly Leu
225                 230                 235                 240

Asp Tyr Pro Ser Leu Asp Glu Leu Glu Lys Thr Ile Val Ala Met Ala
                245                 250                 255

Asp Leu Gly Leu Lys Val His Ile Thr Glu Leu Asp Val Asp Val Leu
            260                 265                 270

Pro Ala Pro Trp Gln Leu Ala Ser Ala Asp Ile Ser Thr Lys Phe Glu
        275                 280                 285

Tyr Asp Lys Ser Leu Asn Pro Tyr Val Asp Gly Leu Pro Asp Ala Val
    290                 295                 300

Asn Gln Gln Leu Ser Ala Arg Tyr Val Glu Leu Phe Lys Leu Phe Ile
305                 310                 315                 320

Lys His Gln Gln His Ile Gly Arg Val Thr Phe Trp Gly Val Gly Asp
                325                 330                 335

Gly Asp Ser Trp Lys Asn Asn Phe Pro Val Pro Gly Arg Thr Asn Tyr
            340                 345                 350

Pro Leu Leu Phe Asp Arg Asn Leu Lys Pro Lys Pro Ala Tyr Asn Ala
        355                 360                 365
```

Leu Val Ala Leu Lys Leu
370

<210> 43
<211> 22
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> primer

<400> 43
gaaaatcgag tttctgcgac tc 22

<210> 44
<211> 24
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> primer

<400> 44
tttgtctgcc tgattaataa cgcc 24