



(12) BẢN MÔ TẢ SÁNG CHẾ THUỘC BẰNG ĐỘC QUYỀN SÁNG CHẾ

(19) Cộng hòa xã hội chủ nghĩa Việt Nam (VN)
CỤC SỞ HỮU TRÍ TUỆ

(11)



1-0052856

(51)^{2020.01} A01C 1/00; C12N 1/20; C12R 1/46;
C12N 9/12; C12N 9/38; C07K 14/315;
C12N 15/01

(13) B

(21) 1-2020-04161

(22) 21/12/2018

(86) PCT/EP2018/086668 21/12/2018

(87) WO2019/122365 27/06/2019

(30) 17210053.9 22/12/2017 EP

(45) 27/10/2025 451

(43) 25/06/2021 399A

(73) International N&H Denmark ApS (DK)

Parallelvej 16, DK-2800 Kongens Lyngby, Denmark

(72) COCHU-BLACHÈRE, Armelle (FR); FREMAUX, Christophe (FR);
DESFOUGÈRES, Thomas (FR).

(74) Công ty TNHH T&T INVENMARK Sở hữu trí tuệ Quốc tế (T&T INVENMARK
CO., LTD.)

(54) VI KHUẨN AXIT LACTIC CÓ CÁC ĐẶC TÍNH TẠO NGỌT, CHẾ PHẨM VÀ
PHƯƠNG PHÁP SẢN XUẤT SẢN PHẨM LÊN MEN

(21) 1-2020-04161

(57) Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza giải phóng glucoza trong quá trình lên men sữa. Chủng *Streptococcus thermophilus* này mang đột biến trong gen *glcK*, trong gen *ccpA*, trong gen *lacZ* và/hoặc trong gen *ptsH* và tùy ý trong một hoặc nhiều gen, cụ thể một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Sáng chế còn đề cập đến chế phẩm chứa ít nhất một chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza và chế phẩm này để sản xuất sản phẩm từ sữa lên men.

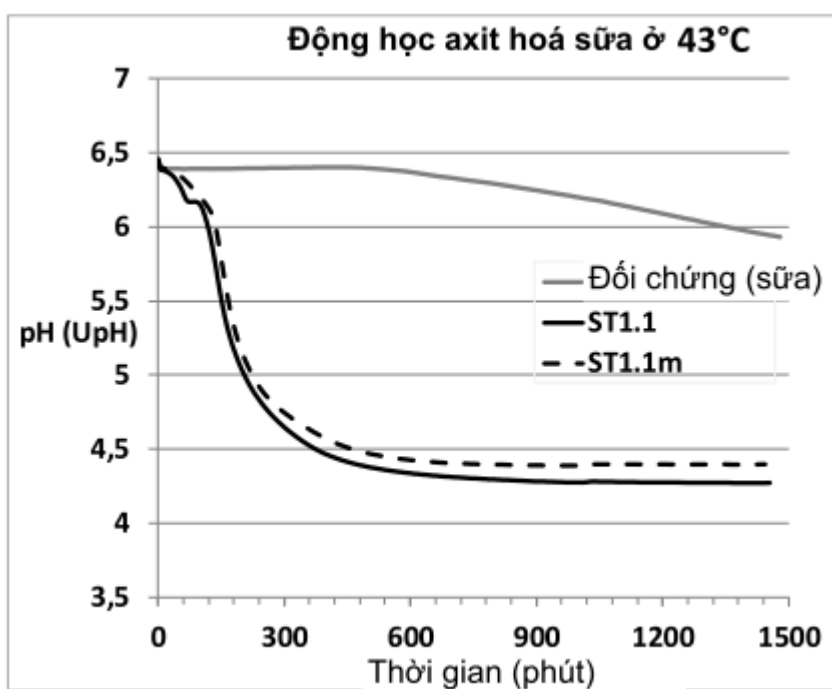


Fig.2

Lĩnh vực kỹ thuật được đề cập

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza giải phóng glucoza trong quá trình lên men sữa. Chủng *Streptococcus thermophilus* này mang đột biến trong gen *glcK* mã hoá glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, và tùy ý trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, trong gen *ccpA*, trong gen *lacZ* và/hoặc trong gen *ptsH*. Chủng này còn có thể mang đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Sáng chế còn đề cập đến chế phẩm bao gồm ít nhất một chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza và sử dụng chủng hoặc chế phẩm này để sản xuất sản phẩm từ sữa lên men.

Tình trạng kỹ thuật của sáng chế

Ngành công nghiệp thực phẩm sử dụng vi khuẩn để cải thiện vị và kết cấu của các thực phẩm hoặc thức ăn chăn nuôi. Trong trường hợp về ngành công nghiệp sữa, vi khuẩn axit lactic thường được sử dụng để, ví dụ, tạo ra sự axit hóa sữa (bằng cách lên men lactoza) và tạo kết cấu sản phẩm mà chúng được kết hợp. Ví dụ, vi khuẩn axit lactic thuộc loài *Streptococcus thermophilus* (*S. thermophilus*) được sử dụng một cách rộng rãi, riêng hoặc kết hợp với vi khuẩn khác, để sản xuất sản phẩm từ sữa lên men tươi, như sữa chua. Thuật ngữ "*sữa chua*" được xác định theo các quy định của Pháp và châu Âu, nghĩa là, các sản phẩm từ sữa đông tụ thu được bằng quá trình lên men axit lactic với *Streptococcus thermophilus* và *Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus* (*Lb. bulgaricus*).

Vì khẩu vị của người tiêu dùng, sản phẩm từ sữa lên men tươi thường được tạo ngọt bằng cách bổ sung trái cây, đường hoặc chất tạo ngọt. Do đó, các chất tạo ngọt nhân tạo hoặc tự nhiên thường được bổ sung vào để làm tăng cường các đặc tính ngọt của sản phẩm từ sữa lên men tươi cuối cùng. Tuy nhiên, đồng thời, có nhu cầu ngày

càng tăng đối với các sản phẩm tốt cho sức khỏe mà trong đó không có chất phụ gia nào được bổ sung vào sản phẩm cuối cùng.

Do đó, vẫn có nhu cầu về quy trình sản xuất sản phẩm từ sữa lên men ngọt tươi sử dụng ít chất phụ gia hoặc không sử dụng chất phụ gia. Các dung dịch-dựa trên các chủng tạo ra tự nhiên glucoza – gần đây đã được trình bày hoặc được đề xuất.

Pool et al. (2006. *Metabolic Engineering* 8(5); 456-464) trình bày về việc tạo ngọt tự nhiên các sản phẩm thực phẩm bằng cách thao tác di truyền *Lactococcus lactis* (*L. lactis*) để tạo ra glucoza. Do đó, Pool et al bộc lộ chủng *Lactococcus lactis* mà trong đó sự chuyển hóa glucoza bị ngắt quãng hoàn toàn do sự loại bỏ gen *glcK* mã hóa glucokinaza (nghĩa là, không có hoạt tính glucokinaza), gen *ptnABCD* mã hóa manozơ/glucoza-PTS và gen *ptcB-ptcA* mã hóa phức hệ protein EIIBA^{cel} của glucoza-PTS EI^{cel}. Do đó, chủng thu được chỉ có thể lên men gốc galactozơ của lactozơ (là kết quả của chủng *L. lactis* là chủng lên men galactozơ), trong khi gốc glucoza được tích tụ ngoại bào. Tuy nhiên, các loài *Lactococcus lactis* không nhất thiết phải phù hợp để sản xuất tất cả các sản phẩm từ sữa lên men tươi và cụ thể là sữa chua (mà cần phải có các chủng *Streptococcus thermophilus* và *Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus*).

Tài liệu WO2013/160413, WO2017/103051 và Sørensen et al. (2016; *Appl Environ Microbiol* 82(12):3683-3692) bộc lộ các chủng *Streptococcus thermophilus* có các đặc tính tăng cường để tạo ngọt tự nhiên cho các sản phẩm thực phẩm. Các chủng *Streptococcus thermophilus* là chủng lên men galactozơ và mang đột biến trong gen *glcK* của chúng ngắt quãng khả năng phosphoryl hóa glucoza (nghĩa là, các chủng *S. thermophilus* lên men galactozơ không có hoạt tính GlcK có thể phát hiện được). Hiện tượng lên men galactozơ thu được theo đột biến trong vùng khởi đầu của galactozơ operon (phía trước của gen *galk*) mà đã biết để mã hóa các enzym GalK, GalT, GalE và GalM. Các thay đổi axit amin dẫn đến GlcK protein có hoạt tính glucokinaza không phát hiện được là S72P, T141I và G249R. Tuy nhiên, các chủng này bị trễ một cách đáng kể về động học axit hoá của chúng.

Van den Bogaard et al. (*Journal of Bacteriology*; 2000. 182: 5982-5989) bộc lộ sự ngắt quãng (tổng phân rã) gen *ccpA* trong *Streptococcus thermophilus*. Tuy nhiên, đột biến như vậy, mặc dù nó giải phóng glucoza (13 mM) trong quá trình sinh trưởng trên M17 được bổ sung Lactozơ (20 mM), bị trễ đáng kể về động học axit hoá của nó

(thời gian trễ kéo dài và tốc độ sinh trưởng giảm), khiến cho nó không thể sử dụng ở quy mô công nghiệp.

Tài liệu WO2015/0149940 (Tine SA) bộc lộ phương pháp nhận biết vi khuẩn axit lactic tiết glucoza bằng cách thực hiện phát sinh đột biến ngẫu nhiên ở quy mô lớn và phát hiện glucoza bằng enzym trên các thể đột biến dương tính với lactoza. Tuy nhiên, Tine bị phê phán về bản chất và số lượng đột biến và/hoặc gen bị tác động bởi phương pháp này. Trong phần ví dụ, các thể đột biến thu được là các chủng dương tính với galactoza, như được mô tả trong ví dụ 1 (lựa chọn chủng *S. thermophilus* trên đĩa aga M17 được bổ sung galactoza).

Do đó, vẫn có nhu cầu đối với các chủng có khả năng tạo ra glucoza tự nhiên và mà có thể được sử dụng ở quy mô công nghiệp để sản xuất sản phẩm từ sữa lên men tươi, bao gồm sữa chua.

Bản chất kỹ thuật của sáng chế

Sáng chế đã chứng minh được rằng, nhiều đột biến loại bỏ hoàn toàn chức năng của protein có liên quan đến sự chuyển hoá đường (như sự ngắt quãng *ccpA*, GlcK protein với hoạt tính glucokinaza không phát hiện được), các đột biến huỷ bỏ quy định chặt chẽ sự chuyển hoá đường (và không ức chế nó) có thể được sử dụng để thiết kế các chủng *Streptococcus thermophilus* giải phóng nồng độ glucoza đáng kể trong quá trình lên men sản phẩm từ sữa. Các tác giả sáng chế đã chỉ ra rằng các chủng *Streptococcus thermophilus* như vậy có thể được đặc trưng bởi tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza của chúng với hoạt tính glucokinaza của chúng. Tỷ lệ này giải thích tập tính của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo sáng chế liên quan đến việc sử dụng cả lactoza và glucoza trong quá trình sinh trưởng của chúng, cụ thể khi được sử dụng trong quá trình lên men sữa. Thực vậy, beta-galactosidaza chịu trách nhiệm thuỷ phân lactoza thành galactoza và glucoza, trong khi glucokinaza khiến cho glucoza khả dụng để sử dụng nó qua con đường đường phân. Do đó, các tác giả sáng chế đã chỉ ra rằng sự gia tăng hoạt tính beta-galactosidaza không làm thay đổi bất kỳ mức hoạt tính glucokinaza [trong tỷ lệ đã nêu trong bản mô tả này] dẫn đến gia tăng glucoza tự do, do sự thuỷ phân quá mức lactoza. Mặt khác, việc giảm hoạt tính glucokinaza mà không làm thay đổi bất kỳ hoạt tính beta-galactosidaza [trong tỷ lệ đã nêu trong bản mô tả này] có cùng tác động chuyển hoá. Tốt hơn, các chủng theo sáng

chế không cần phải dương tính với galactosa (hiện tượng đã được thể hiện không ổn định trong lactosa).

Do đó, sáng chế đề xuất chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactosa, âm tính về galactosa, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} hoặc ít nhất là 8×10^{-6} .

Mô tả vắn tắt các hình vẽ

Fig.1: Sự căn chỉnh trình tự GlcK protein của các chủng DGCC7710 (DSM28255), DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+. Sự khác nhau với GlcK protein của DGCC7710 (SEQ ID NO:2) được đóng hộp.

Fig.2: Đường cong axit hoá sữa (độ pH theo thời gian) thu được với các chủng DGCC7710, DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+.

Fig.3: Đường cong axit hoá sữa (độ pH theo thời gian) thu được với (A) chủng ST1.1 và thể đột biến E275K (ST1.1m-*glcK*) của nó và (B) chủng ST1.2 và thể đột biến E275K của nó (ST1.2m-*glcK*).

Fig.4: Tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E trong các chủng *Streptococcus thermophilus* khác nhau của sáng chế và các chủng cha mẹ của chúng (đối chứng).

Mô tả chi tiết sáng chế

Tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E

Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactosa, âm tính về galactosa theo sáng chế thể hiện (hoặc có) tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E được chọn từ

nhóm gồm ít nhất 4×10^{-6} , ít nhất 5×10^{-6} , ít nhất 6×10^{-6} , ít nhất 7×10^{-6} hoặc ít nhất 8×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 5×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 6×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 7×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 8×10^{-6} .

Bất kể trị số tối thiểu của tỷ lệ như được xác định trong bản mô tả này, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Đáng chú ý là, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E như được xác định trong bản mô tả này không đo được trong chủng *Streptococcus thermophilus*, hoạt tính glucokinaza của nó bị vô hiệu hoặc không phát hiện được bằng thử nghiệm được mô tả trong bản mô tả này (như các chủng được bộc lộ trong bảng 1). Cũng cần phải lưu ý rằng tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E như được xác định trong bản mô tả này lớn hơn 8×10^{-3} trong chủng *Streptococcus thermophilus*, hoạt tính glucokinaza của nó bị giảm mạnh. Để tránh sự nghi ngờ, các chủng *Streptococcus thermophilus* không phải một phần của sáng chế.

Theo sáng chế, hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* theo sáng chế được đánh giá bằng thử nghiệm D [nghĩa là thử nghiệm D được thực hiện bằng cách sử dụng chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế]:

Thử nghiệm D:

Môi trường nuôi cấy tươi qua đêm của chủng *Streptococcus thermophilus* được đánh giá trong M17 chứa lactoza 30 g/L thu được và được sử dụng để tiêm truyền ở 1% (thể tích/thể tích) 10 ml M17 lactoza tươi 30 g/L. Thu hoạch tế bào bằng cách ly tâm (6000g, 10 phút, 4°C) sau 3 giờ sinh trưởng trên M17 + lactoza 30 g/L ở 42°C, rửa trong 1,5 ml dung dịch đệm phân ly lạnh (KPO4 0,1 M), và tạo huyền phù lại trong 300 µl dung dịch đệm phân ly lạnh. Chất ức chế proteaza không chứa EDTA “cOmplete™,”

(Roche, số tham chiếu của nhà cung cấp 04693132001) được bổ sung vào dung dịch đệm phân ly như được mô tả bởi nhà cung cấp. Ngắt quãng tế bào bằng cách bổ sung 100 mg hạt thủy tinh (150-212 μm , Sigma G1145) vào 250 μL tế bào được tạo huyền phù lại và dao động ở tần số 30 vòng/giây trong 6 phút trong máy dao động MM200 (Retsch, Haan, Germany). Loại bỏ mảnh vỡ tế bào và hạt thủy tinh bằng cách ly tâm (14000 g, 15 phút, 4°C), và dịch nổi được chuyển vào trong ống ly tâm sạch 1,5 mL duy trì trên nước đá. Tổng hàm lượng protein được xác định bằng cách sử dụng FLUKA Protein Quantification Kit-Rapid (số tham chiếu 51254). Hoạt tính beta-galactosidaza trong dịch chiết tế bào được xác định về mặt quang phổ bằng cách kiểm tra sự thủy phân O-nitro-Phenol-Beta-Galactosit (ONPG) thành galactose và O-nitrophenol (ONP). Trộn 20 μL dịch chiết vi khuẩn với 135 μL dung dịch đệm phản ứng (NaPO_4 0,1 M + KCl 0,01 M + MgSO_4 0,001 M + ONPG 3 mM + Beta Mercapto Ethanol 60 mM, pH = 6). Việc tạo ra ONP dẫn đến màu vàng trong ống. Khi màu này xuất hiện, phong bế phản ứng bằng cách bổ sung 250 μL dung dịch đệm dừng (Na_2CO_3 1 M). Mật độ quang ở 420 nm được đo bằng cách sử dụng thiết bị đọc vi đĩa đa phát hiện Synergy HT (BIO-TEK). Một đơn vị galactosidaza tương ứng với lượng enzym mà xúc tác quá trình tạo ra 1 μmol ONP cho mỗi phút trong các điều kiện thử nghiệm. Hoạt tính beta-galactosidaza được tính toán như sau:

Hoạt tính Beta-Galactosidaza (U/g tổng dịch chiết protein) = $\text{dOD} \times V / [\text{dt} \times l \times \epsilon \times Q_{\text{prot}}]$, trong đó:

- dOD là sự biến thiên của mật độ quang (OD) ở 420 nm giữa mẫu trống và mẫu thử nghiệm
- V là thể tích của phản ứng mà trong đó mật độ quang được đo (ở đây là 250 μL)
- dt = thể hiện khoảng thời gian theo phút nằm trong khoảng từ khi bổ sung 20 μL dịch chiết vi khuẩn đến khi bổ sung 250 μL dung dịch đệm dừng
- l = độ dài đường quang (ở đây là 0,73 cm)
- ϵ = hệ số giảm mol của ONP (ở đây là 4500 $\text{cm}^2 / \mu\text{mol}$)
- Q_{prot} = lượng protein trong mẫu thủy tinh (tính theo g)

Phép đo được thực hiện ít nhất ba lần đối với mỗi mẫu và các trị số về hoạt tính riêng của beta-galactosidaza được đưa ra trong bản mô tả này trong thử nghiệm D là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập.

Theo sáng chế, để xác định tỷ lệ như được xác định trong bản mô tả này, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được đánh giá bằng thử nghiệm E [nghĩa là thử nghiệm E được thực hiện bằng cách sử dụng chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế].

Thử nghiệm E:

Môi trường nuôi cấy qua đêm tươi của chủng *Streptococcus thermophilus* được đánh giá trong M17 chứa lactoza 30 g/L thu được và được sử dụng để tiêm truyền ở 1% (thể tích/thể tích) 10 ml M17 lactoza tươi 30 g/L. Thu hoạch tế bào bằng cách ly tâm (6000 g, 10 phút, 4°C) sau 3 giờ sinh trưởng trên M17 + lactoza 30 g/L ở 42°C, rửa trong 1,5 ml dung dịch đệm GLCK lạnh (5 mM MgCl₂, 10 mM K₂HPO₄ / KH₂PO₄ [pH= 7,2]), và tạo huyền phù lại trong 300 µl dung dịch đệm GLCK lạnh. Các chất ức chế proteaza không chứa EDTA “cOmpleteTM” (Roche, số tham chiếu của nhà cung cấp 04693132001) được bổ sung vào dung dịch đệm GLCK như được mô tả bởi nhà cung cấp. Ngắt quãng tế bào bằng cách bổ sung 100mg hạt thủy tinh (150-212 µm, Sigma G1145) vào 250µl tế bào tạo huyền phù lại và dao động ở tần số 30 vòng/giây trong 6 phút trong máy dao động MM200 (Retsch, Haan, Germany). Loại bỏ mảnh vỡ tế bào và hạt thủy tinh bằng cách ly tâm (14000g, 15 phút, 4°C), và dịch nổi được chuyển vào trong ống ly tâm sạch 1,5 mL duy trì trên nước đá. Tổng hàm lượng protein được xác định bằng cách sử dụng FLUKA Protein Quantification Kit-Rapid (số tham chiếu 51254). Hoạt tính glucokinaza trong dịch chiết tế bào được xác định về mặt quang phổ bằng glucoza-6-phosphat dehydrogenaza (G-6PDH, EC1.1.1.49): thử nghiệm cặp đôi NADPH (Porter *et al.*, 1982), chủ yếu như được mô tả bởi Pool *et al.* (2006). Mỗi mẫu (5, 10 và 20 µL) được bổ sung vào dung dịch đệm thử nghiệm (10 mM K₂HPO₄ / KH₂PO₄ [pH=7,2], 5 mM MgCl₂, 1 mM ATP, 20 mM glucoza, 1 mM NADP, 1 U G-6PDH) trong thể tích cuối cùng 250 µL và để im hỗn hợp trong 5 phút ở 30°C. Mật độ quang ở 340 nm được đo trong 5 phút bằng cách sử dụng bộ đọc vi đĩa đa phát hiện Synergy HT (BIO-TEK). Một đơn vị glucokinaza tương ứng với lượng enzym mà xúc tác quá trình phosphoryl hoá 1 µmol D-glucoza thành D-Glucoza 6-phosphat cho mỗi phút trong các điều kiện thử nghiệm. Hoạt tính glucokinaza được tính toán như sau:

Hoạt tính glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein) = $dOD \times V / [dt \times l \times \epsilon \times Q_{prot}]$, trong đó:

- dOD là sự biến thiên của mật độ quang (OD) ở 340 nm

- V là thể tích của phản ứng (ở đây là 250 μL)

dt = thời gian đo (tính theo phút)

l = độ dài đường quang (ở đây là 0,73 cm)

ϵ = hệ số giảm mol của NADPH ; H^+ (ở đây là 6220 $\text{cm}^2 / \mu\text{mol}$)

Qprot = lượng protein trong chậu thủy tinh (tính theo g)

Phép đo được thực hiện ba lần đối với mỗi mẫu, và các trị số hoạt tính riêng glucokinaza được đưa ra trong bản mô tả này trong thử nghiệm E là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập.

Giải phóng glucoza bởi chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế trong quá trình lên men sữa.

Như được mô tả trong bản mô tả này, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế còn có thể được đặc trưng bởi khả năng của chúng giải phóng glucoza khi được sử dụng để lên men sữa. Khả năng này được xác định trong bản mô tả này theo nồng độ glucoza mà được giải phóng vào trong sữa, khi chủng của sáng chế được sử dụng để lên men sữa. Theo một phương án, các điều kiện lên men sữa là theo và nồng độ của glucoza được xác định bởi Thử nghiệm B như được xác định dưới đây:

Thử nghiệm B:

Sữa bán kem UHT “Le Petit Vendéen (“sữa chua”) chứa 3% (trọng lượng/thể tích) bột sữa (BBA, Lactalis), được vô trùng trước 10 phút ở 90°C, được tiêm truyền ở 1% (thể tích/thể tích, khoảng 10^7 CFU/ml) với môi trường nuôi cấy của chủng *S. thermophilus* được đánh giá (tế bào tạo huyền phù lại không chứa M17-carbohydrat từ môi trường nuôi cấy qua đêm được sinh trưởng trong M17 được bổ sung 3% sucroza). Sữa này được cho là chứa khoảng 175 mM lactoza. Ủ tĩnh bình thót cổ chứa sữa đã tiêm truyền trong bể nước ở 43°C trong 24 giờ, để thu được sữa lên men. Các mẫu T0 và các mẫu sữa lên men (T24h) (5g) được pha loãng trong 25g H_2SO_4 0,025 N, trước khi được ly tâm ở 4600 vòng/phút trong 10 phút ở 4°C. Lọc dịch nổi qua thiết bị lọc 0,2 μm Nylon (Phenomenex, Germany, Aschaffenburg) trực tiếp vào trong lọ nhỏ 2 ml HPLC. Lưu trữ các mẫu ở -20°C cho đến khi phân tích tiếp. Định lượng carbohydrat bằng phép sắc ký lỏng hiệu năng cao (Agilent 1200 HPLC) được trang bị bộ dò chỉ số khúc xạ sử dụng cột trao đổi anion Aminex HPX-87H (Bio-Rad Laboratories Inc.) ở 35°C, với

12,5 mM H₂SO₄ dưới dạng dung dịch rửa giải và tốc độ dòng 0,6 ml min⁻¹. Việc khai thác kết quả được thực hiện bằng phần mềm tái xử lý Chemstation (Agilent).

Để tránh sự nghi ngờ, các loài *Streptococcus thermophilus* sẽ được hiểu dưới dạng chủng *Streptococcus salivarius subsp. thermophilus*.

Cụm từ “*đương tính về lactoza*”, có nghĩa là chủng *Streptococcus thermophilus* có khả năng sinh trưởng trên lactoza là một nguồn carbohydrat duy nhất, cụ thể là trên môi trường M17 được bổ sung 2% lactoza. Theo phương án cụ thể, hiện tượng “*đương tính về lactoza*” được đánh giá bằng cách tiêm truyền – vào trong nước xuýt M17 chứa 2% lactoza – nuôi cấy qua đêm chủng *S. thermophilus* để được thử nghiệm ở tốc độ 1%, và ủ trong 20 giờ ở 37°C, và trong đó độ pH = 5,5 hoặc thấp hơn khi kết thúc thời gian ủ cho biết hiện tượng dương tính với lactoza.

Cụm từ “*âm tính về galactoza*”, có nghĩa là chủng *Streptococcus thermophilus* không có khả năng sinh trưởng trên galactoza là nguồn carbohydrat duy nhất, cụ thể là trên môi trường M17 được bổ sung 2% galactoza. Theo phương án cụ thể, hiện tượng “*âm tính về galactoza*” được đánh giá bằng cách tiêm truyền – vào trong nước xuýt M17 chứa 2% galactoza – nuôi cấy qua đêm chủng *S. thermophilus* để được thử nghiệm ở 1% và ủ trong 20 giờ ở 37°C, và trong đó độ pH = 6 hoặc cao hơn khi kết thúc thời gian ủ cho biết hiện tượng âm tính về galactoza.

Cụm từ “*dẫn xuất*” dùng để chỉ chủng ban đầu (ví dụ dẫn xuất DGCC7710), có nghĩa là chủng thu được từ chủng ban đầu (ví dụ từ chủng DGCC7710) bằng cách thay thế một trong số các gen của nó (như *glcK*, *ccpA*, v.v.) bằng alen khác (cụ thể là alen đột biến) của cùng một gen. Theo một phương án, dẫn xuất thu được bằng cách thay thế toàn bộ gen (trình tự mã hoá và đoạn khởi đầu) của chủng ban đầu bằng alen khác (trình tự mã hoá và đoạn khởi đầu) của cùng một gen. Theo một phương án, dẫn xuất thu được bằng cách thay thế trình tự mã hoá của gen của chủng ban đầu bằng alen khác (trình tự mã hoá) của cùng một gen.

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong một hoặc nhiều gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK*, gen *ccpA*, gen *lacZ*, gen *ptsH* và gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucosa, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4x10⁻⁶, ít nhất là 5x10⁻⁶, ít nhất là 6x10⁻⁶, ít nhất

là 7×10^{-6} hoặc ít nhất là 8×10^{-6} . Theo một phương án, và bất kể trị số tối thiểu của tỷ lệ như được xác định trong bản mô tả này, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang (các) đột biến trong một hoặc nhiều gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK*, gen *ccpA*, gen *lacZ* và gen *ptsH* và tùy ý mang đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang (các) đột biến trong một hoặc nhiều gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK*, gen *ccpA*, gen *lacZ* và gen *ptsH* và mang đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang 1) đột biến trong gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK*, gen *ccpA*, gen *lacZ* và gen *ptsH* hoặc đột biến trong gen *glcK* và gen *ccpA* và 2) đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến thứ nhất trong gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK*, gen *ccpA*, gen *lacZ* và gen *ptsH* và đột biến thứ hai trong gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong một hoặc nhiều gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK*, gen *ccpA* và gen mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* và/hoặc gen *ccpA* và tùy ý trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza.

Theo phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên, một hoặc nhiều gen mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza được chọn từ nhóm gồm gen *manL*, gen *manM*, gen *manN* và gen *manO*. Theo phương án bất kỳ trong số các phương án nêu trên, một hoặc nhiều gen mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza được chọn từ nhóm gồm gen *manL*, gen *manM* và gen *manN*. Theo một phương án, chủng

Streptococcus thermophilus dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang (các) đột biến trong gen hoặc hai gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK* và gen *ccpA* và đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* và/hoặc gen *ccpA* và tùy ý trong gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN*.

Một vài phương án về chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế, thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} , được mô tả chi tiết dưới đây:

I. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* của nó.

II. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *ccpA* của nó.

III. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* của nó và đột biến trong gen *ccpA* của nó.

IV. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *lacZ* của nó.

V. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *ptsH* của nó.

VI. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế theo phương án bất kỳ trong số các phương án từ I đến V, còn mang đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza.

I. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* của nó

Sáng chế đã chứng minh rằng chủng *Streptococcus thermophilus* âm tính về galactoza và mang đột biến trong gen *glcK* mã hóa glucokinaza (GlcK), hoạt tính

glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, có thể được sử dụng để tiết glucoza trong sữa lên men.

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* mã hóa glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu. Theo một phương án, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* mã hóa glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Cụm từ “gen *glcK* mã hóa glucokinaza” có nghĩa là trình tự ADN bất kỳ của chủng *Streptococcus thermophilus* mã hóa enzym glucokinaza mà xúc tác sự chuyển hóa glucoza và ATP thành glucoza-6-phosphat (G6P) và ADP. Các ví dụ không hạn chế về các trình tự glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* được bộc lộ như các trình tự SEQ ID No:2, 4, 6, 8, 10 12, 14, 16, 18 và 20.

Theo sáng chế, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu là hệ quả của đột biến trong gen *glcK* của nó. Nói cách khác, alen của gen *glcK* được mang bởi chủng này sao cho hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu.

Cụm từ “hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” dùng để chỉ hoạt tính glucokinaza của nó là cả:

- bị giảm đáng kể trong chủng này, cụ thể là khi so với hoạt tính glucokinaza trong chủng mang gen *glcK* không đột biến; và
- không vô hiệu, nghĩa là hoạt tính có thể được phát hiện bằng thử nghiệm A như được xác định trong bản mô tả này.

Theo sáng chế, dấu hiệu “hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” có thể được xác định bằng các phương pháp đã biết trong lĩnh vực này. Do đó, đã biết các phương pháp đo hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* và bao gồm các thử nghiệm enzym với các chất phản ứng có bán sẵn trên thị trường. Tham chiếu đoạn 2.4 của ấn phẩm Pool *et al.* (2006. Metabolic Engineering 8(5); 456-464) (nội dung của ấn phẩm này được đưa vào bản

mô tả này bằng cách viện dẫn). Theo phương án cụ thể, để xác định dấu hiệu này, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được đánh giá bằng thử nghiệm A [nghĩa là thử nghiệm A được thực hiện bằng cách sử dụng chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế].

Thử nghiệm A:

Môi trường nuôi cấy tươi qua đêm của chủng *Streptococcus thermophilus* được đánh giá trong M17 chứa lactoza 30 g/L thu được và được sử dụng để tiêm truyền ở 1% (thể tích/thể tích) 10 ml M17 tươi lactoza 30 g/L. Thu hoạch tế bào bằng cách ly tâm (6000g, 10 phút, 4°C) ở mật độ quang 600 nm (OD600) 0,8 +/- 0,2, rửa trong 5 ml dung dịch đệm GLCK lạnh (5 mM MgCl₂, 10 mM K₂HPO₄ / KH₂PO₄ [pH=7,2]), và được tạo huyền phù lại trong 500 µl dung dịch đệm GLCK lạnh. Chất ức chế proteaza không chứa EDTA “cOmpleteTM” (Roche, số tham chiếu của nhà cung cấp 04693132001) được bổ sung vào dung dịch đệm GLCK như được mô tả bởi nhà cung cấp. Ngắt quãng tế bào bằng cách bổ sung 100mg hạt thủy tinh (150-212 µm, Sigma G1145) vào 200 µl tế bào đã tạo huyền phù và dao động ở tần số 30 vòng/giây trong 6 phút trong máy dao động MM200 (Retsch, Haan, Germany). Loại bỏ mảnh vỡ tế bào và hạt thủy tinh bằng cách ly tâm (14000 g, 15 phút, 4°C), và chuyển dịch nổi vào 1,5 mL ống ly tâm sạch được giữ trên nước đá. Tổng hàm lượng protein được xác định bằng cách sử dụng FLUKA Protein Quantification Kit-Rapid (số tham chiếu 51254). Hoạt tính glucokinaza trong dịch chiết tế bào được xác định theo quang phổ kế bằng thử nghiệm cặp đôi glucoza-6-phosphat dehydrogenaza (G-6PDH, EC1.1.1.49):NADPH (Porter *et al.*, 1982), chủ yếu như được mô tả bởi Pool *et al.* (2006). Mỗi mẫu (5, 10 và 20 µL) được bổ sung vào dung dịch đệm thử nghiệm (10 mM K₂HPO₄ / KH₂PO₄ [pH=7,2], 5 mM MgCl₂, 1 mM ATP, 20 mM glucoza, 1 mM NADP, 1 U G-6PDH) trong thể tích cuối cùng 250 µL và để yên hỗn hợp trong 5 phút ở 30°C. Mật độ quang ở 340nm được đo trong 5 phút bằng cách sử dụng bộ đọc vi đĩa đa phát hiện Synergy HT (BIO-TEK). Một đơn vị glucokinaza tương ứng với lượng enzym mà xúc tác quá trình phosphoryl hóa 1 µmol D-glucoza thành D-Glucoza 6-phosphat mỗi phút trong các điều kiện thử nghiệm. Hoạt tính glucokinaza được tính toán như sau:

Hoạt tính glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein) = $dOD \times V / [dt \times l \times \epsilon \times Q_{prot}]$, trong đó:

- dOD là sự biến thiên của mật độ quang (OD) ở 340 nm

- V là thể tích của phản ứng (ở đây là 250 μL)

dt = thời gian đo (tính theo phút)

l = độ dài đường quang (ở đây là 0,73 cm)

ϵ = hệ số giảm mol của NADPH ; H^+ (ở đây là 6220 $\text{cm}^2 / \mu\text{mol}$)

Qprot = lượng protein trong chậu thủy tinh (tính theo g)

Phép đo được thực hiện ba lần đối với mỗi mẫu, và các trị số hoạt tính riêng glucokinaza được đưa ra trong bản mô tả này trong thử nghiệm A là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập.

Theo phương án cụ thể thứ nhất về dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*”, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 300 đến 1200 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 400 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ trị số tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 200, 300 và 400 U/g tổng dịch chiết protein đến trị số tối đa được chọn từ nhóm gồm 1000, 1200 và 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Cần phải lưu ý rằng, như được nêu trong thử nghiệm A, trị số hoạt tính glucokinaza được bộc lộ trong bản mô tả này là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập (ba lần).

Theo phương án cụ thể thứ hai về dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*”, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 5 đến 60% hoạt tính của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014. Cụm từ “*hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710*”, có nghĩa là hoạt tính của chủng DGCC7710 glucokinaza (nghĩa là, với SEQ ID NO:2) như được đánh giá bằng thử nghiệm A trong chủng DGCC7710 [nghĩa là, thử nghiệm A được thực hiện bằng cách sử dụng chủng DGCC7710]. Trị số theo tỷ lệ phần trăm được tính toán dựa vào hoạt tính glucokinaza trong chủng của sáng chế và

hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710, cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 10 đến 50% hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 15 đến 40% hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ tỷ lệ phần trăm tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 5, 10 và 15 % hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 đến tỷ lệ phần trăm tối đa được chọn từ nhóm gồm 40, 50 và 60 % hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể và bất kể khoảng tỷ lệ phần trăm, hoạt tính của glucokinaza được đánh giá bằng thử nghiệm A như được mô tả trong bản mô tả này. Cần phải lưu ý rằng các trị số theo tỷ lệ phần trăm được bộc lộ trong bản mô tả này được tính toán dựa vào các trị số hoạt tính glucokinaza mà là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập (ba lần) như được đánh giá bằng thử nghiệm A.

Theo phương án cụ thể thứ nhất và thứ hai, các chủng sau đây có thể được sử dụng làm đối chứng trong thử nghiệm A:

- làm đối chứng dương tính (ví dụ, chủng *Streptococcus thermophilus* là đại diện của chủng mang gen *glcK* không đột biến): chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014;

- làm đối chứng âm tính (ví dụ, chủng *Streptococcus thermophilus* có hoạt tính glucokinaza không phát hiện được): *Streptococcus thermophilus* mà gen *glcK* của nó bị ngắt quãng hoặc *Streptococcus thermophilus* mà gen *glcK* của nó mang một trong số các đột biến được bộc lộ trong WO2013/160413, WO2017/103051 hoặc Sørensen et al. (2016) và được tổng kết trong bảng 1 dưới đây:

Đột biến ở mức gen <i>glcK</i>	Sự thay đổi về nồng độ GlcK protein	Đột biến được mô tả trong chủng lưu trữ	Chủng được mô tả trong
T214C	S72P	DSM25851	WO2013/160413
C422T	T141I	DSM25850	WO2013/160413 Sørensen (St1-GS-1)
G745A	G249R	DSM28889	WO2017/103051 Sørensen (St2-GS-1)

Bảng 1: Các đột biến *glcK* dẫn đến hoạt tính glucokinaza của chủng mà không phát hiện được

Trong quá trình lên men sữa, lactoza chứa trong sữa (làm nguồn carbohydrat chính trong sữa) được du nhập vào trong chủng *Streptococcus thermophilus*. Tiếp theo, lactoza nội bào được phân tách thành glucoza và galactoza bằng enzym beta-galactosidaza (sao cho 1 mol lactoza thu được 1 mol glucoza và 1 mol galactoza).

Dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” cũng có thể được đặc trưng bởi vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza (ở đây được gọi là V_{max} , và được xác định dưới dạng vận tốc của quá trình chuyển hóa Glucoza + ATP thành G6P + ADP) hoặc bằng cách nghịch đảo ái lực của glucokinaza (được gọi là K_m) đối với một hoặc hai cơ chất của nó, nghĩa là glucoza và ATP. Theo một phương án, dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” đối với chủng của sáng chế còn được đặc trưng bởi vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza của nó trong chủng này.

Do đó, kết hợp với phương án cụ thể thứ nhất hoặc thứ hai về dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” được xác định trong bản mô tả này, vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu. Dấu hiệu “ *V_{max} của glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” có thể được xác định theo một hoặc hai tham số này

- V_{max} nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C.

- V_{max} nằm trong khoảng từ 5 đến 60 % V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Theo phương án cụ thể, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* mã hóa glucokinaza, trong đó hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này), và trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu và được xác định theo một hoặc hai tham số:

- V_{max} nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C.

- Vmax nằm trong khoảng từ 5 đến 60 % Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza (Vmax) trong *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được đánh giá bằng thử nghiệm C [nghĩa là thử nghiệm C được thực hiện bằng cách sử dụng chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế].

Thử nghiệm C:

Vận tốc tiến về phía trước tối đa (Vmax) được xác định bằng cách sử dụng các nồng độ khác nhau của glucoza (0, 5, 10, 15, 20 mM) trên dịch chiết thô được tạo ra như được mô tả trong thử nghiệm A. Phép đo được thực hiện ba lần đối với mỗi mẫu, và các trị số Vmax được nêu trong thử nghiệm C là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập. Phép hồi quy tuyến tính thể hiện sự nghịch đảo vận tốc riêng theo chức năng nghịch đảo của nồng độ glucoza tạo ra sự nghịch đảo về vận tốc tiến về phía trước tối đa ở giao điểm với trục T của đồ họa.

Theo phương án cụ thể về vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, Vmax nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C. Theo phương án cụ thể, Vmax nằm trong khoảng từ 300 đến 1200 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C. Theo phương án cụ thể, Vmax nằm trong khoảng từ 400 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein. Theo phương án cụ thể, Vmax của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ trị số tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 200, 300 và 400 U/g tổng dịch chiết protein đến trị số tối đa được chọn từ nhóm gồm 1000, 1200 và 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Theo phương án cụ thể về vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, Vmax nằm trong khoảng từ 5 đến 60 % Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710. Thuật ngữ “Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710”, có nghĩa là Vmax của chủng DGCC7710 glucokinaza (nghĩa là với SEQ ID NO:2) như được đánh giá bằng thử nghiệm C trong chủng DGCC 7710 [nghĩa là thử nghiệm C được thực hiện bằng cách sử dụng chủng DGCC7710]. Trị số theo tỷ lệ phần trăm được tính toán dựa vào Vmax của glucokinaza trong chủng của sáng chế và Vmax của chủng DGCC7710, cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Theo phương án cụ thể, V_{max} của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 10 đến 50 % V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C. Theo phương án cụ thể, V_{max} của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ 15 đến 40% V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể, V_{max} của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế nằm trong khoảng từ trị số phần trăm tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 5, 10 và 15 % V_{max} của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 đến trị số tỷ lệ phần trăm tối đa được chọn từ nhóm gồm 40, 50 và 60 % V_{max} của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710.

Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* mã hóa glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này.

Thuật ngữ “đột biến trong gen *glcK*” theo sáng chế, có nghĩa là biến thể nucleotit bất kỳ trong gen *glcK*, trong đó biến thể này ở mức nucleotit dẫn đến hoạt tính glucokinaza trong chủng mang gen *glcK* đột biến này (như gen *glcK* duy nhất) mà bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý dẫn đến vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng mà bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này. Theo phương án cụ thể, thuật ngữ “đột biến trong gen *glcK*” theo sáng chế, có nghĩa là biến thể nucleotit bất kỳ nằm trong khung đọc mở của gen *glcK*, trong đó biến thể này ở mức nucleotit dẫn đến hoạt tính glucokinaza trong chủng mang gen *glcK* đột biến (như gen *glcK* duy nhất) mà bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý dẫn đến vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng mà bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này.

Do đó, mặc dù hai chủng *Streptococcus thermophilus* có thể khác nhau theo trình tự của gen *glcK* tương ứng của chúng, điều này không nhất thiết phải có nghĩa rằng một trong số hai gen *glcK* được đột biến theo nghĩa của sáng chế. Thực vậy, không được xem là các đột biến theo sáng chế:

- các biến thể ở mức nucleotit không dẫn đến thay đổi bất kỳ ở mức protein (biến thể câm) và không tác động đến sự dịch mã của gen *glcK* ARN; và

- các biến thể ở mức nucleotit dẫn đến sự thay đổi ở mức protein, nhưng trong đó sự thay đổi này không tác động đến hoạt tính glucokinaza của GlcK protein thu được và tùy ý vận tốc tiến về phía trước tối đa của GlcK protein thu được, như được xác định trong bản mô tả này. Thực vậy, các biến thể như vậy có thể được quan sát ở mức gen *glcK* của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mà không tác động đến phạm vi bảo hộ của sáng chế.

Các ví dụ không hạn chế về các gen *glcK* mà không được xem là đột biến theo nghĩa của sáng chế là:

- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:2 (GlcK typ ST1), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:1; GlcK typ này là typ của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:4 (GlcK typ ST2), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:3;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:6 (GlcK typ ST3), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:5;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:8 (GlcK typ ST4), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:7;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:10 (GlcK typ ST5), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:9;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:12 (GlcK typ ST6), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:11;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:14 (GlcK typ ST7), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:13;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:16 (GlcK typ ST8), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:15;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:18 (GlcK typ ST9), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:17;
- polynucleotit mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:20 (GlcK typ ST10), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:19.

Sự khác nhau của các axit amin ở mức glucokinaza cùng với tỷ lệ phần trăm giống nhau của mỗi GlcK typ với SEQ ID NO:2 được tổng kết trong bảng 3 (ví dụ 2). Hoạt tính glucokinaza trong các chủng có GlcK typ ST2 đến ST10 được tổng kết trong bảng 4 (ví dụ 3).

Hơn nữa, một vài đột biến nucleotit trong gen *glcK* không được xem là thích hợp đối với mục đích của sáng chế, vì chúng dẫn đến glucokinaza, mà hoạt tính của nó bị vô hiệu hoặc thấp hơn trị số tối thiểu được xác định trong bản mô tả này, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Các ví dụ không hạn chế về các đột biến không phù hợp được mô tả trong bảng 1. Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus* của sáng chế không mang đột biến được chọn từ nhóm gồm đột biến dẫn đến sự ngắt quãng gen *glcK* và các đoạn khuyết lớn trong gen *glcK*.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế mang đột biến trong khung đọc mở của gen *glcK* dẫn đến thay thế axit amin trong GlcK protein, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này mang gen *glcK* đột biến bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này) và tùy ý trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này. Theo phương án cụ thể, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* dẫn đến thay thế axit amin trong gen GlcK, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này mang gen *glcK* đột biến bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này) và tùy ý trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này. Theo phương án cụ thể, chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* sao cho GlcK protein có chiều dài 322 axit amin và trong đó hoạt tính glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này.

Như được trình bày trên đây, một vài cải biến ADN có thể được quan sát ở mức gen *glcK* của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mà không tác động đến hoạt tính glucokinaza của chủng. Dựa vào thử nghiệm A được xác định trong bản mô tả này

cùng với các chủng đối chứng được xác định trong bản mô tả này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sẽ biết được cách để nhận biết 1) gen *glcK* mã hóa glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng mang gen *glcK* này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này) và tùy ý trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng mang gen *glcK* đột biến bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này), 2) gen *glcK* mang cải biến không tác động đến hoạt tính glucokinaza trong chủng mang cải biến này hoặc 3) gen *glcK* mã hóa glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng mang gen *glcK* này bị vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này).

Chủng DGCC7710 có thể được sử dụng làm đối chứng, bằng cách thay thế gen *glcK* của nó bằng gen *glcK* sẽ được đánh giá để thu được dẫn xuất DGCC7710, và đánh giá dẫn xuất DGCC7710 bằng thử nghiệm A (hoạt tính glucokinaza) hoặc thử nghiệm C (V_{max}).

Các tác giả sáng chế đã nhận biết được hai vị trí trong glucokinaza, đối với bản chất axit amin mà được thể hiện tác động đến hoạt tính của glucokinaza, sao cho hoạt tính glucokinaza bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tác động đến V_{max} của glucokinaza sao cho V_{max} bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này: vị trí 144 và vị trí 275 của glucokinaza (nghĩa là, codon 144 và 275 của gen *glcK*). Cần phải hiểu rằng dựa vào các thử nghiệm A và C được xác định trong bản mô tả này cùng với các chủng đối chứng, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sẽ biết được cách nhận biết các vị trí khác và axit amin thích hợp trong glucokinaza, để thu được hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không bị vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này) và tùy ý vận tốc tiến về phía trước tối đa mà bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, và do đó giảm hoạt tính của gen *glcK* tương ứng.

Theo một phương án, axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza (được mã hóa bởi gen *glcK* của chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế) không phải axit glutamic (nghĩa là, là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic); do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế không phải GAA cũng không phải GAG. Theo phương án cụ thể, axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza mà không phải axit amin axit (nghĩa là, là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit); do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi

chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là codon mã hóa axit amin không axit. Theo phương án cụ thể, axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza được chọn từ nhóm gồm lysin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó; do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là codon mã hóa axit amin được chọn từ nhóm gồm lysin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó. Theo phương án cụ thể, axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza là lysin; do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là AAA hoặc AAG. Theo phương án cụ thể, các nucleotit 823-825 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là AAA hoặc AAG.

Theo phương án cụ thể, trình tự của GlcK protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm:

a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:25, trong đó axit amin ở vị trí 275 là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin; và

b) trình tự biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có chiều dài 322 axit amin.

Theo phương án khác, axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza (được mã hóa bởi gen *glcK* của chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế) không phải glyxin (nghĩa là, axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin); do đó, theo một phương án, codon 144 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế không phải GGT, GGC, GGA hoặc GGG. Theo phương án cụ thể, axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza không phải axit amin béo (nghĩa là, axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo). Theo phương án cụ thể, axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza được chọn từ nhóm gồm serin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó; do đó, theo một phương án, codon 144 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là codon mã hóa axit amin được chọn từ nhóm gồm serin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó. Theo phương án cụ thể, axit amin ở vị trí 144

của glucokinaza là serin; do đó, theo một phương án, codon 144 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là AGT, AGC, TCT, TCC, TCA hoặc TCG. Theo phương án cụ thể, các nucleotit 430-432 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là AGT, AGC, TCT, TCC, TCA hoặc TCG.

Theo phương án cụ thể, trình tự của GlcK protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm:

a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:46, trong đó axit amin ở vị trí 144 là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin; và

b) trình tự biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK có chiều dài 322 axit amin.

Để xác định biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, tính tương tự hoặc giống nhau được tính toán trong bản mô tả này so với toàn bộ chiều dài của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng gốc axit amin tương tự hoặc giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của trình tự]; vị trí 275 như được xác định trong SEQ ID NO:25 không được xem xét để tính toán tính tương tự hoặc giống nhau. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 95% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 97% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit

amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin.

Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:25 bởi từ 1 đến 30 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin (vị trí 275 không được xem xét để tính toán số lượng thay thế). Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:25 bởi từ 1 đến 20 thay thế axit amin, trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO: 25 bởi từ 1 đến 15 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO: 25 bởi từ 1 đến 10 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO: 25 bởi 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 hoặc 12 thay thế axit amin, trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin.

Để xác định biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, tính tương tự hoặc giống nhau được tính toán trong bản mô tả này so với toàn bộ chiều sau của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng gốc axit amin tương tự hoặc giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của trình tự]; vị trí 144 như được xác định trong SEQ ID NO:46 không được xem xét để tính toán tính tương tự hoặc giống nhau. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 95% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 97% tương tự hoặc giống với SEQ ID

NO:46, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin.

Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 30 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin (vị trí 144 không được xem xét để tính toán số lượng thay thế). Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 20 thay thế axit amin, trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 15 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 10 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 hoặc 12 thay thế axit amin, trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin.

Theo một phương án, trình tự GlcK protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 và 34, trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể này là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NOs: 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 và 34, trong đó axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza không phải axit glutamic, cụ thể không phải axit amin axit, cụ thể là lysin tương ứng.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của

glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) không phải axit glutamic; do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế không phải GAA cũng không phải GAG; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 25 và trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) không phải axit glutamic.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) mà không phải axit amin axit; do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là codon mà không mã hóa axit amin axit; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 25 và trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) mà không phải axit amin axit.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) được chọn từ nhóm gồm lysin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó; do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là codon mã hóa axit amin được chọn từ nhóm gồm lysin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus*

của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 25 và trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là lysin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là lysin; do đó, theo một phương án, codon 275 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là condon mã hóa lysin tương ứng, cụ thể là AAA hoặc AAG tương ứng; do đó, theo phương án cụ thể, trình tự GlcK protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 22, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42 và 43; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 22, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42 và 43; theo phương án cụ thể, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế như được xác định trong SEQ ID NO:21.

Theo phương án khác, trình tự GlcK protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 và 55, trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể này là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 và 55, trong đó axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza không phải glyxin, cụ thể không phải axit amin béo, cụ thể là serin.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của

glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) không phải glyxin; do đó, theo một phương án, codon 144 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế không phải GGT, GGC, GGA hoặc GGG; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 46 và trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) không phải glyxin.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) không phải axit amin béo; do đó, theo một phương án, codon 144 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là codon mà không mã hóa axit amin béo; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO:46 và trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) không phải axit amin béo.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) được chọn từ nhóm gồm serin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó; do đó, theo một phương án, codon 144 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là codon mã hóa axit amin được chọn từ nhóm gồm serin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus*

của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 46 và trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là serin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là serin; do đó, theo một phương án, codon 144 của gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là condon mã hóa serin, cụ thể là AAA hoặc AAG; do đó, theo phương án cụ thể, trình tự GlcK protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 45, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63 và 64; do đó, theo một phương án, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa GlcK protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 45, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63 và 64; theo phương án cụ thể, gen *glcK* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là như được xác định trong SEQ ID NO:44.

Khi xác định trình tự GlcK protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế, theo sáng chế, hoạt tính glucokinaza trong chủng biểu hiện GlcK protein bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý Vmax của glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này.

Ngoài được đặc trưng bằng cách bị giảm đáng kể nhưng không bị vô hiệu, hoạt tính glucokinaza như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý bị giảm đáng kể nhưng không bị vô hiệu, vận tốc tiến về phía trước tối đa (Vmax) của glucokinaza của nó như được xác định trong bản mô tả này, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza còn có thể được đặc trưng bởi hành vi của nó (có thể giải phóng glucoza) khi được sử dụng để lên men sữa. Ngoài được đặc trưng bởi tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm

D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza còn có thể được đặc trưng bởi hành vi của nó (có khả năng giải phóng glucoza) khi được sử dụng để lên men sữa. Như được đặc trưng bởi tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E mà ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, và bị giảm đáng kể nhưng không bị vô hiệu, hoạt tính glucokinaza như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý bị giảm đáng kể nhưng không bị vô hiệu vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza của nó như được xác định trong bản mô tả này, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza còn có thể được đặc trưng bởi hành vi của nó (có khả năng giải phóng glucoza) khi được sử dụng để lên men sữa.

Do đó, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, mang đột biến trong gen *glcK*, của sáng chế còn được đặc trưng bởi ít nhất một trong số các dấu hiệu, khi được sử dụng để lên men sữa, cụ thể là một trong số các dấu hiệu này hoặc tổ hợp của hai dấu hiệu:

1) khi chủng này được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza được tích tụ/được giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng lactoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) lớn hơn 20%;

2) khi chủng này được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, nồng độ của glucoza trong sữa lên men ít nhất là 10 mM;

Mỗi dấu hiệu sẽ được mô tả một cách riêng biệt dưới đây mặc dù như được nêu trên đây, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế - có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý có vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) giảm đáng kể của glucokinaza của nó như được xác định trong bản mô tả này – còn có thể được đặc trưng bởi 1 dấu hiệu hoặc tổ hợp của 2 dấu hiệu.

1) Theo phương án cụ thể, (riêng hoặc kết hợp với dấu hiệu 2), chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, mang đột biến trong gen *glcK*, còn được đặc trưng bởi thực tế rằng khi chủng này được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá

bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza tích tụ/giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng glucoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) lớn hơn 20%.

Thực vậy, là kết quả của “*giảm đáng kể nhưng không bị vô hiệu*” hoạt tính glucokinaza trong chủng của sáng chế và tùy ý là kết quả của “*giảm đáng kể nhưng không bị vô hiệu*” V_{max} của glucokinaza trong chủng này, nhỏ hơn 80% mol của glucoza đến từ lactoza tiêu thụ (disacarit được tạo ra từ glucoza và galactoza) được sử dụng bởi chủng này, sao cho ít nhất 20% mol glucoza đến từ lactoza tiêu thụ được giải phóng vào trong sữa trong quá trình lên men. Sau khi lên men sữa bằng cách sử dụng thử nghiệm B được mô tả trong bản mô tả này, số mol của lactoza tiêu thụ được xác định bằng cách tính toán số mol lactoza trong sữa trước khi lên men trừ đi số mol lactoza còn lại trong sữa lên men sau khi lên men. Sau khi lên men sữa bằng cách sử dụng thử nghiệm B được mô tả trong bản mô tả này, số mol glucoza được tìm thấy trong sữa lên men sau khi lên men trừ đi số mol glucoza mà đã có mặt trong sữa trước khi lên men (nếu có) được xác định (glucoza tích tụ). Tiếp theo, tỷ lệ của glucoza tích tụ so với lactoza tiêu thụ được tính toán và là % gốc glucoza của lactoza tiêu thụ mà được giải phóng và tích tụ trong sữa lên men. Theo phương án cụ thể, khi chủng của sáng chế được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza tích tụ/giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng lactoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) lớn hơn 30%. Theo phương án cụ thể, khi chủng của sáng chế được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza tích tụ/giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng lactoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) lớn hơn 40%. Theo phương án cụ thể, khi chủng của sáng chế được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza tích tụ/giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng lactoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) lớn hơn 50%. Theo phương án cụ thể, khi chủng của sáng chế được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza tích tụ/giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng lactoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) lớn hơn 60%. Theo phương án cụ thể, khi chủng của sáng chế được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza tích tụ/giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng lactoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) được chọn từ nhóm gồm tỷ lệ mà lớn hơn 30%, lớn hơn 40%, lớn hơn 50 và lớn hơn 60%.

2) Theo phương án cụ thể (riêng hoặc kết hợp với dấu hiệu 1), chủng

Streptococcus thermophilus của sáng chế, mang đột biến trong gen *glcK*, còn được đặc trưng bởi thực tế rằng nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 10 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 15 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 20 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 25 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B được chọn từ nhóm gồm nồng độ ít nhất là 10 mM, ít nhất là 15 mM, ít nhất là 20 mM và ít nhất là 25 mM.

Do đó, theo phương án cụ thể, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế – có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý có vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) giảm đáng kể nhưng không vô hiệu của glucokinaza của nó như được xác định trong bản mô tả này, còn được đặc trưng bởi 1 dấu hiệu hoặc kết hợp của 2 dấu hiệu:

1) khi chủng này được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, tỷ lệ của lượng glucoza tích tụ/giải phóng (mM) trong sữa lên men so với lượng lactoza tiêu thụ bởi chủng này (mM) được chọn từ nhóm gồm tỷ lệ lớn hơn 30%, 40%, 50 và 60%;

2) khi chủng này được sử dụng để lên men sữa như được đánh giá bằng thử nghiệm B, nồng độ glucoza trong sữa lên men được chọn từ nhóm gồm nồng độ ít nhất là 10 mM, ít nhất là 15 mM, ít nhất là 20 mM và ít nhất là 25 mM;

II. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *ccpA* của nó.

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *ccpA*, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6}

như được xác định trong bản mô tả này.

Đột biến bất kỳ có thể được đưa vào trong gen *ccpA* của chủng *Streptococcus thermophilus*, miễn là thu được tỷ lệ nêu trên của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang gen *ccpA* đột biến.

Theo một phương án, đột biến gen *ccpA* không phải đột biến dẫn đến sự ngắt quãng gen (ví dụ, phá vỡ hoàn toàn).

Theo một phương án, đột biến gen *ccpA* là đột biến trong trình tự mã của gen *ccpA*, cụ thể là trong 270 nucleotit đầu tiên của trình tự mã của gen *ccpA*. Theo một phương án, đột biến là đột biến được chọn từ nhóm gồm:

a) đột biến không có nghĩa (nghĩa là dẫn đến codon DỪNG) nằm trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 270 của trình tự mã của gen *ccpA*; và

b) đột biến, được định vị trong một phần tư đầu tiên của trình tự mã của gen *ccpA* (nghĩa là, nằm trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 250), dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA*.

Theo một phương án, đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA* nằm trong khoảng từ nucleotit 50 đến nucleotit 200 của trình tự mã của gen *ccpA*. Theo một phương án, đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA* được định vị nằm trong khoảng từ nucleotit 100 đến nucleotit 150 của trình tự mã của gen *ccpA*. Bất kể vị trí của đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung, đột biến được chọn từ nhóm gồm khuyết đoạn, lồng vào hoặc khuyết/lồng vào (mà tất cả không phải bộ số của 3).

Mặc dù hai chủng *Streptococcus thermophilus* có thể khác nhau về trình tự của gen *ccpA* của chúng, điều này không nhất thiết phải có nghĩa rằng một trong số hai gen *ccpA* được đột biến theo nghĩa của sáng chế. Thực vậy, không được xem xét dưới dạng đột biến của gen *ccpA* theo sáng chế:

- các biến thể ở mức nucleotit mà dẫn đến thay đổi ở mức protein, nhưng trong đó sự thay đổi này không có khả năng thu được tỷ lệ - của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mã hóa protein cải biến này – ít nhất là 4×10^{-6}

Các ví dụ không hạn chế về gen *ccpA* mà không được xem là đột biến theo nghĩa của sáng chế là:

- polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:65 (*ccpA* typ ST1); *ccpA* typ này là typ của chủng DGCC7710;
- polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:66 (*ccpA* typ ST2), mà có 99,8% giống với SEQ ID NO:65;
- polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:67 (*ccpA* typ ST3), mà có 99,8% giống với SEQ ID NO:65;
- polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:68 (*ccpA* typ ST4), mà có 99,7% giống với SEQ ID NO:65;
- polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:69 (*ccpA* typ ST5), mà có 99,8% giống với SEQ ID NO:65; và
- polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:70 (*ccpA* typ ST6), mà có 99,7% giống với SEQ ID NO:65.

Các tác giả sáng chế đã nhận biết được ít nhất một đột biến, mà khi có mặt trong gen *ccpA* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza cho phép chủng này thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Do đó, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *ccpA* được chọn từ nhóm gồm đột biến không có nghĩa được định vị trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 270 của trình tự mã của gen *ccpA* và đột biến được định vị trong một phần tư đầu tiên của trình tự mã của gen *ccpA*, dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA*, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Theo một phương án, đột biến của gen *ccpA* là sự loại bớt nucleotit A trong đoạn gồm 7 nucleotit A ở vị trí 114-120 (dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA*). Trong bản mô tả này, gen *ccpA* được đột biến của *Streptococcus thermophilus* được dùng để chỉ *ccpA*_{Δ1A114-120}. Theo một phương án, trình tự của gen *ccpA* đột biến được chọn từ nhóm gồm:

- a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:71; và
- b) trình tự biến thể *ccpA* có ít nhất 90% giống với SEQ ID NO:71.

Biến thể *ccpA* như được xác định trong bản mô tả này mang đột biến như được xác định trên đây, nghĩa là, được chọn từ nhóm gồm đột biến không có nghĩa được định vị trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 270 của trình tự mã của gen *ccpA* và đột biến, được định vị trong một phần tư đầu tiên của trình tự mã của *ccpA*, dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA*.

Để xác định biến thể *ccpA* có ít nhất 90% giống với SEQ ID NO:71, trong bản mô tả này, sự giống nhau được tính toán so với toàn bộ chiều sau của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng nucleotit giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của các trình tự]. Theo phương án cụ thể, trình tự của biến thể *ccpA* có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% giống với SEQ ID NO:71. Theo một phương án, trình tự của biến thể *ccpA* khác với SEQ ID NO: 71 từ 1 đến 30 thay thế nucleotit. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể *ccpA* khác với SEQ ID NO: 71 từ 1 đến 20 thay thế nucleotit. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể *ccpA* khác với SEQ ID NO: 71 từ 1 đến 15 thay thế nucleotit. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể *ccpA* khác với SEQ ID NO: 71 từ 1 đến 10 thay thế nucleotit. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể *ccpA* khác với SEQ ID NO: 71 by 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 hoặc 10 thay thế nucleotit. Theo một phương án, trình tự của gen *ccpA* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 71, 72, 73, 74, 75 và 76.

Ngoài được đặc trưng bởi tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế, mang gen *ccpA* đột biến, còn có thể được đặc trưng bởi khả năng giải phóng glucoza của nó khi được sử dụng để lên men sữa.

Do đó, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, mang đột biến trong gen *ccpA*, của sáng chế còn được đặc trưng bởi thực tế rằng nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 8 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 9 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng

thử nghiệm B, ít nhất là 10 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 12 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B được chọn từ nhóm gồm nồng độ với ít nhất là 8 mM, ít nhất là 9 mM, ít nhất là 10 mM và ít nhất là 12 mM.

Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này cần phải biết rằng, trong phần này của sáng chế, hướng dẫn về cách để thu được và nhận biết các đột biến của gen *ccpA* khác với đột biến được bộc lộ một cách cụ thể. Dựa vào tỷ lệ được xác định trên đây [hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E] cùng với chủng tham chiếu được xác định trong bản mô tả này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sẽ biết được cách nhận biết gen *ccpA* đột biến theo sáng chế và thu được chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế.

Do đó, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau đây:

a) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus*, gen *ccpA* của nó như được xác định trong SEQ ID NO:65, như chủng DGCC7710;

b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *ccpA*, ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *ccpA* mà trình tự của nó khác với trình tự của gen *ccpA* của chủng trong mục a);

c) lồng gen *ccpA* thu được ở mục b) thay cho gen *ccpA* của chủng DGCC7710, để thu được dẫn xuất DGCC7710;

d) xác định tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của dẫn xuất DGCC7710, trong đó tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} có nghĩa là gen *ccpA* lồng vào là gen *ccpA* đột biến theo sáng chế. Theo phương án cụ thể, gen *ccpA* đột biến được xem là theo sáng chế khi tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của dẫn xuất DGCC7710 ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} hoặc ít nhất là 8×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ này nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Ngoài ra, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này, để thu được và nhận

biết gen *ccpA* đột biến theo sáng chế và thu được *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, cũng có thể thực hiện phương pháp sau:

- a) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus*, mà gen *ccpA* của nó như được xác định trong SEQ ID NO:65, như chủng DGCC7710;
- b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *ccpA*, ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *ccpA* mà trình tự của nó khác với trình tự của gen *ccpA* của chủng ở mục a);
- c) lồng gen *ccpA* thu được ở bước b) thay cho gen *ccpA* của chủng DGCC7710, để thu được dẫn xuất DGCC7710;
- d) xác định tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của dẫn xuất DGCC7710 và lựa chọn dẫn xuất DGCC7710 thể hiện tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này; và
- e) xác định bằng thử nghiệm B nồng độ glucoza trong sữa được lên men với dẫn xuất DGCC7710 được lựa chọn ở mục d), trong đó nồng độ glucoza ít nhất 8 mM có nghĩa là gen *ccpA* lồng vào là gen *ccpA* đột biến theo sáng chế. Theo phương án cụ thể, gen *ccpA* đột biến được xem là theo sáng chế khi nồng độ glucoza được đo ở bước e) ít nhất là 9 mM, ít nhất là 10 mM hoặc ít nhất là 12 mM.

Theo cách khác, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau:

- a) cung cấp chủng DSM32587 (đột biến trong gen *glck* của nó), được lưu trữ ở DSMZ vào ngày 15 tháng 8 năm 2017;
- b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *ccpA* của chủng ở a), ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *ccpA*, mà trình tự của nó khác với trình tự của gen *ccpA* của DSM32587, để thu được chủng DSM32587 đột biến *ccpA*;
- c) xác định tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng DSM32587 đột biến *ccpA* thu được ở bước b), và lựa chọn chủng DSM32587 đột biến *ccpA* có tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} ; và
- d) xác định bằng thử nghiệm B nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng DSM32587 đột biến *ccpA* được chọn ở c), trong đó

d1) nồng độ glucoza ít nhất 50 mM có nghĩa là gen *ccpA* đột biến theo sáng chế. Theo một phương án, gen *ccpA* đột biến được xem là theo sáng chế khi nồng độ glucoza được đo ở bước d) ít nhất là 60 mM, ít nhất là 70 mM hoặc ít nhất là 80 mM, hoặc

d2) sự gia tăng nồng độ của glucoza thu được với chủng DSM32587 đột biến *ccpA* được chọn ở c) ít nhất là 150% khi so với nồng độ glucoza thu được với chủng DSM32587, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm B, có nghĩa là gen *ccpA* đột biến là theo sáng chế. Theo một phương án, gen *ccpA* đột biến được xem là theo sáng chế khi glucoza gia tăng ở bước d) ít nhất là 200% hoặc ít nhất là 300% nồng độ glucoza của chủng DSM32587.

Khi được xác định, gen *ccpA* đột biến – như được xác định trong bản mô tả này – có thể được đưa vào thay cho gen *ccpA* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, để thu được chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế.

III. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *glcK* của nó và đột biến trong gen *ccpA* của nó.

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* mã hóa glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, như được xác định trong bản mô tả này, và mang đột biến trong gen *ccpA* của nó, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Theo một phương án, đột biến bất kỳ của gen *glcK* dẫn đến glucokinaza, mà hoạt tính của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, như được mô tả trong bản mô tả này (cụ thể là ở mục I trên đây) có thể được sử dụng kết hợp với đột biến *ccpA* bất kỳ, miễn là tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Nói cách khác, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về

lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gne *glcK* như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là trong mục I trên đây) và còn mang đột biến trong gen *ccpA*.

Theo một phương án, đột biến *ccpA* bất kỳ dẫn đến tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E - trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang gen *ccpA* đột biến này, cụ thể là trong chủng DGCC7710 - ít nhất là 4×10^{-6} như được mô tả trong bản mô tả này (cụ thể là trong mục II trên đây) có thể được sử dụng với đột biến *glcK* bất kỳ, miễn là tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Nói cách khác, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *ccpA*, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là trong mục II trên đây), và còn mang đột biến trong gen *glcK*.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang:

- gen *glcK* đột biến dẫn đến glucokinaza, mà hoạt tính của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, như được xác định trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong bản mô tả này, cụ thể là trong mục I trên đây; và

- gen *ccpA* đột biến dẫn đến tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} , như được xác định trong bản mô tả này, cụ thể là như được xác định trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza trong mục II trên đây.

Do đó, phương án bất kỳ trong số các phương án được bộc lộ trên đây đối với gen *glcK* đột biến dẫn đến glucokinaza, mà hoạt tính của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, có thể được kết hợp với phương án bất kỳ trong số các phương án được bộc lộ trong bản mô tả này đối với gen *ccpA* đột biến dẫn đến tỷ lệ của hoạt tính của beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính

glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} , miễn là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza thu được mang cả hai đột biến thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang:

- gen *glcK* đột biến mã hóa đối với glucokinaza đột biến trong khung đọc mở của nó, cụ thể là dẫn đến sự thay thế axit amin trong GlcK protein, trong đó hoạt tính của glucokinaza trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu; và

- gen *ccpA* mang đột biến được chọn từ nhóm gồm a) đột biến không có nghĩa (nghĩa là dẫn đến STOP codon) nằm trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 270 của trình tự mã của gen *ccpA*; và b) đột biến được định vị trong một phần tư đầu tiên của trình tự mã của gen *ccpA* (nghĩa là, nằm trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 250), dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA*.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang:

- gen *glcK* đột biến mã hóa đối với glucokinaza, vị trí 144 của nó mà không phải glyxin, cụ thể là serin hoặc vị trí 275 của nó mà không phải axit glutamic, cụ thể là lysin; và

- gen *ccpA* mang đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA* nằm trong khoảng từ nucleotit 50 đến nucleotit 200 của trình tự mã của gen *ccpA*.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang:

- gen *glcK* đột biến mã hóa đối với glucokinaza, vị trí 144 của nó là serin hoặc vị trí 275 của nó là lysin; và

- gen *ccpA* mang đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA* nằm trong khoảng từ nucleotit 100 đến nucleotit 150 của trình tự mã của gen *ccpA*.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang:

- gen *glcK* đột biến mã hóa glucokinaza, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 22, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 45, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63 và 64 (cụ thể là SEQ ID NO:22 và 45); và

- gen *ccpA* đột biến, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 71, 72, 73, 74, 75 và 76 (cụ thể là SEQ ID NO: 71).

Như được đặc trưng bởi tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế, mang gen *glcK* đột biến và gen *ccpA* đột biến, còn được đặc trưng bởi khả năng giải phóng glucoza của nó khi được sử dụng để lên men sữa.

Do đó, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, mang đột biến trong gen *glcK* và đột biến trong gen *ccpA*, của sáng chế còn được đặc trưng bởi thực tế rằng nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 50 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 60 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 70 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 80 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B được chọn từ nhóm gồm nồng độ với ít nhất là 50 mM, ít nhất là 60 mM, ít nhất là 70 mM và ít nhất là 80 mM.

Mặt khác, các phương pháp được mô tả một cách chi tiết trên đây, thu được và nhận biết gen *glcK* đột biến trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế, và mặt khác nhận biết gen đột biến *ccpA* trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế, áp dụng tương tự trong bản mô tả này, thu được chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* của nó và trong gen *ccpA* của nó.

Ví dụ, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau để thu được và nhận biết gen *ccpA* đột biến theo sáng chế:

- a) cung cấp chủng DSM32587 (đột biến trong gen *glcK* của nó);
- b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *ccpA* của chủng ở mục a), ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *ccpA*, trình tự của nó khác với trình tự của gen *ccpA* của DSM32587, thu được chủng DSM32587 đột biến *ccpA*;
- c) xác định tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng DSM32587 đột biến *ccpA* thu được ở mục b), và lựa chọn chủng DSM32587 đột biến *ccpA* thể hiện tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} ; và
- d) xác định bằng thử nghiệm B nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng DSM32587 đột biến *ccpA* được lựa chọn ở mục c), trong đó
 - d1) nồng độ glucoza ít nhất 50 mM nghĩa là gen *ccpA* đột biến theo sáng chế. Theo một phương án, gen *ccpA* đột biến được cho là theo sáng chế khi nồng độ glucoza đo được ở bước d) ít nhất là 60 mM, ít nhất là 70 mM hoặc ít nhất là 80 mM, hoặc
 - d2) gia tăng nồng độ glucoza thu được với chủng DSM32587 đột biến *ccpA* được chọn ở mục c) ít nhất là 150% khi so với nồng độ glucoza thu được với chủng DSM32587, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm B, có nghĩa là gen *ccpA* đột biến là theo sáng chế. Theo một phương án, gen *ccpA* đột biến được cho là theo sáng chế khi glucoza gia tăng ở bước d) ít nhất là 200% hoặc ít nhất là 300% nồng độ glucoza của chủng DSM32587.

Theo ví dụ khác, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau để thu được và nhận biết gen *glcK* đột biến theo sáng chế:

- a) cung cấp chủng DGCC7710 trong đó gen *ccpA* của nó được thay thế bằng gen *ccpA* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}), trong bản mô tả này được gọi là chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120};
- b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *glcK* của chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} ở bước a), ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *glcK*, trình tự của nó khác với trình tự của gen *glcK* của chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}, để thu được chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *glcK*;
- c) xác định tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng

DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *glcK* thu được ở mục b), và lựa chọn chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *glcK* thể hiện tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} ; và

d) xác định bằng thử nghiệm B nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *glcK* được lựa chọn ở mục c), trong đó

d1) nồng độ glucoza ít nhất 50 mM có nghĩa là gen *glcK* đột biến là theo sáng chế. Theo một phương án, gen *glcK* đột biến được xem là theo sáng chế khi nồng độ glucoza đo được ở bước d) ít nhất là 60 mM, ít nhất là 70 mM hoặc ít nhất là 80 mM, hoặc

d2) gia tăng nồng độ glucoza thu được với chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *glcK* được lựa chọn ở bước c) ít nhất là 150% khi so với nồng độ glucoza thu được với chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm B, có nghĩa là gen *ccpA* đột biến là theo sáng chế. Theo một phương án, gen *ccpA* đột biến được xem là theo sáng chế khi glucoza gia tăng ở bước d) ít nhất là 200% hoặc ít nhất là 300% nồng độ glucoza của chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}.

Trong bản mô tả này, chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} là chủng DGCC7710 mà trong đó gen *ccpA* được thay thế bằng gen *ccpA* như được xác định trong SEQ ID NO:71.

Khi được xác định, gen *glcK* đột biến và/hoặc gen *ccpA* đột biến – như được xác định trong bản mô tả này – có thể được đưa vào thay thế cho gen *glcK* và/hoặc gen *ccpA* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, để thu được chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế.

IV. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *lacZ* của nó.

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *lacZ* mã hóa beta-galactosidaza (thủy phân lactoza thành galactoza và glucoza), trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Đột biến bất kỳ là phù hợp, cụ thể là đột biến bất kỳ mà làm gia tăng hoạt tính thủy phân lactoza (nghĩa là, hoạt tính beta-galactosidaza) của beta-galactosidaza khi so với chủng tương ứng không bị đột biến trong gen *lacZ*. Đột biến của gen *lacZ* cũng có thể được nhận biết bằng cách gây đột biến gen *lacZ* của chủng DGCC7710, để thu được chủng DGCC7710 đột biến *lacZ* và so sánh hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng DGCC7710 đột biến *lacZ* với hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng DGCC7710, cụ thể là khi cả hai chủng được đánh giá bằng thử nghiệm D. Do đó, đột biến *lacZ* theo sáng chế có thể thu được và được nhận biết bằng phương pháp sau:

a) cung cấp chủng DGCC7710;

b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *lacZ*, để thu được gen *lacZ*, trình tự của nó khác với trình tự của *lacZ* của DGCC7710, để thu được chủng DGCC7710 đột biến *lacZ*;

c) xác định hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng DGCC7710 đột biến *lacZ* thu được ở bước b) và độc lập với chủng DGCC7710, cả hai theo thử nghiệm D, trong đó hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng DGCC7710 đột biến *lacZ* cao hơn so với hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng DGCC7710 nghĩa là gen *lacZ* đột biến theo sáng chế. Cụm từ “*hoạt tính beta-galactosidaza cao hơn*”, có nghĩa là hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng DGCC7710 đột biến *lacZ* như thu được ở bước b) ít nhất là 150%, ít nhất là 200% hoặc ít nhất là 300% cao hơn so với hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng DGCC7710, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm D.

Khi được nhận biết, gen *lacZ* đột biến theo sáng chế có thể được đưa vào thay cho gen *lacZ* chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, để thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế.

Do đó, mặc dù hai chủng *Streptococcus thermophilus* có thể khác nhau theo trình tự gen *lacZ* tương ứng của chúng, điều này không nhất thiết phải có nghĩa là một trong số hai gen *lacZ* này đột biến theo nghĩa của sáng chế. Thực vậy, không được xem là các đột biến theo sáng chế:

- các đột biến ở mức nucleotit mà dẫn đến sự thay đổi ở mức protein, nhưng trong đó sự thay đổi này không tác động đến hoạt tính beta-galactosidaza của beta-galactosidaza thu được như được xác định trong bản mô tả này. Thực vậy, các biến thể

như vậy có thể được quan sát ở mức gen *lacZ* của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mà không làm ảnh hưởng đến phạm vi bảo hộ của sáng chế.

Các ví dụ không hạn chế về gen *lacZ* mà được xem là đột biến theo nghĩa của sáng chế là:

- polynucleotit mã hóa beta-galactosidaza như được xác định trong SEQ ID NO:78 (Beta-Gal typ ST1), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:77; Beta-Gal typ này là typ của chủng DGCC7710;

- *lacZ* polynucleotit mã hóa beta-galactosidaza như được xác định trong SEQ ID NO: 80, 82, 84, 86, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108 và 110 (Beta-Gal typ ST2 đến ST13), cụ thể là *lacZ* polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO: 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107 và 109. Trình tự của beta-galactosidaza như được xác định trong SEQ ID NO: 80, 82, 84, 86, 88, 90, 92, 94, 96, 98, 100, 102, 104, 106, 108 và 110 giống với SEQ ID NO:78 từ 98,9 đến 99,9%.

Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus* của sáng chế không mang đột biến được chọn từ nhóm gồm đột biến dẫn đến sự ngắt quãng gen *lacZ* và các đoạn khuyết lớn trong gen *lacZ*.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen điều hòa, cụ thể là trong đoạn khởi đầu, của gen *lacZ* dẫn đến sự biểu hiện quá mức sao chép của gen *lacZ*. Các ví dụ không hạn chế về các trình tự đoạn khởi đầu mà có thể đột biến theo sáng chế được bộc lộ trong các nucleotit 1 đến 126 của gen *lacZ* như được xác định trong SEQ ID NO: 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107 và 109.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế mang đột biến trong trình tự mã của gen *lacZ* dẫn đến sự thay thế axit amin trong beta-galactosidaza, như có hoạt tính beta-galactosidaza gia tăng như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, sự thay thế này không dẫn đến beta-galactosidaza cắt cụt. Các ví dụ không hạn chế về *lacZ* mã hóa trình tự mà có thể được đột biến trong sáng chế được bộc lộ trong các nucleotit 127 đến 3231 của gen *lacZ* như được xác định trong SEQ ID NO: 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107 và 109.

Trong phần này của sáng chế, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này còn đưa ra chỉ dẫn về cách thu được và nhận biết đột biến của gen *lacZ*. Dựa vào tỷ lệ

được xác định trên đây [hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E] cùng với chủng tham chiếu được xác định trong bản mô tả này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sẽ biết được cách nhận biết gen *lacZ* đột biến theo sáng chế và thu được *Streptococcus thermophilus* của sáng chế.

Do đó, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau:

a) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus*, gen *lacZ* của nó như được xác định trong SEQ ID NO:77, như chủng DGCC7710;

b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *lacZ*, ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *lacZ* mà trình tự của nó khác với trình tự của gen *lacZ* của chủng ở bước a);

c) lồng gen *lacZ* thu được ở bước b) thay cho gen *lacZ* của chủng DGCC7710, để thu được dẫn xuất DGCC7710;

d) xác định tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của dẫn xuất DGCC7710, trong đó tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này có nghĩa là gen *lacZ* lồng vào là gen *lacZ* đột biến theo sáng chế. Theo phương án cụ thể, gen *lacZ* đột biến được xem là theo sáng chế khi tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng dẫn xuất DGCC7710 ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} hoặc ít nhất là 8×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ này nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Theo một phương án, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau:

a) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus*, trình tự đoạn khởi đầu của gen *lacZ* mà như được xác định trong nucleotit 1 đến 126 của SEQ ID NO:77, như chủng DGCC7710;

b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *lacZ*, ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được trình tự khởi đầu của gen *lacZ* mà trình tự của nó khác với trình tự đoạn khởi đầu của gen *lacZ* của chủng ở bước a);

c) lồng gen *lacZ* đột biến đoạn khởi đầu thu được ở bước b) thay cho đoạn khởi đầu của gen *lacZ* của chủng DGCC7710, để thu được dẫn xuất DGCC7710;

d) xác định tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của dẫn xuất DGCC7710, trong đó tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này có nghĩa là đoạn khởi đầu lồng vào của gen *lacZ* là đoạn khởi đầu đột biến của gen *lacZ* theo sáng chế. Theo phương án cụ thể, đoạn khởi đầu đột biến của gen *lacZ* được cho là theo sáng chế khi tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng dẫn xuất DGCC7710 ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} hoặc ít nhất là 8×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ này nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Khi được nhận biết, gen *lacZ* đột biến, cụ thể là đoạn khởi đầu đột biến của gen *lacZ*, - như được xác định trong bản mô tả này – có thể được lồng vào thay cho gen *lacZ*, cụ thể là thay cho đoạn khởi đầu của gen *lacZ*, của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, để thu được chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế.

V. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong gen *ptsH* của nó

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *ptsH* mã hóa HPr protein, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Đột biến bất kỳ là phù hợp miễn là hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Do đó, mặc dù hai chủng *Streptococcus thermophilus* có thể khác nhau theo trình tự gen *ptsH* tương ứng của chúng, điều này không nhất thiết phải có nghĩa rằng một trong số hai gen *ptsH* đột biến theo nghĩa của sáng chế. Thực vậy, không được xem là các đột biến theo sáng chế:

- các biến thể ở mức nucleotit mà dẫn đến thay đổi ở mức protein, nhưng trong đó sự thay đổi này không tác động đến hoạt tính của HPr protein thu được. Thực vậy,

các biến thể như vậy có thể được quan sát ở mức en *ptsH* của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mà không ảnh hưởng đến phạm vi bảo hộ của sáng chế.

Các ví dụ không hạn chế về gen *ptsH* mà không được xem là đột biến theo nghĩa của sáng chế là:

- polynucleotit mã hoá HPr protein như được xác định trong SEQ ID NO:112 (HPr typ ST1), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:111; HPr typ này là typ của chủng DGCC7710;

- *ptsH* polynucleotit mã hoá HPr protein như được xác định trong SEQ ID NO: 114, 116, 118 và 120 (HPr typ ST2 đến 5), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:113, 115, 117 và 119. Trình tự của HPr protein như được xác định trong SEQ ID NO: 114, 116, 118 và 120 giống với SEQ ID NO:112 từ 96,5 đến 98,8%.

Theo một phương án, đột biến gen *ptsH* không phải đột biến dẫn đến sự ngắt quãng (nghĩa là, phá vỡ hoàn toàn) gen *ptsH*.

Theo một phương án, đột biến được đưa vào trong trình tự mã của gen *ptsH*.

Theo một phương án, đột biến là đột biến trong trình tự mã của gen *ptsH*, dẫn đến HPr protein cắt cụt. Bất kể vị trí cắt cụt, đột biến được đưa vào trong gen *ptsH* là sự thay thế nucleotit dẫn đến STOP codon hoặc loại bớt, lồng vào hoặc loại bớt/lồng vào dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở và STOP codon sớm. Theo một phương án, đột biến được đưa vào trong gen *ptsH* là sự thay thế nucleotit dẫn đến STOP codon. Theo một phương án, đột biến được đưa vào trong gen *ptsH* là sự loại bớt, lồng vào hoặc loại bớt/lồng vào dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở và STOP codon sớm.

Theo một phương án, đột biến là đột biến trong trình tự mã của gen *ptsH*, dẫn đến sự thay thế axit amin bởi axit amin khác.

Trong phần này của sáng chế, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này đã đưa ra chỉ dẫn hơn nữa về cách thu được và nhận biết đột biến gen *ptsH*. Dựa vào tỷ lệ được xác định trên đây [hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E] cùng với chủng tham chiếu được xác định trong bản mô tả này, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này sẽ biết được cách để nhận biết gen *ptsH* đột biến theo sáng chế và thu được *Streptococcus thermophilus* của sáng chế.

Do đó, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau:

a) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus*, mà gen *ptsH* của nó như được xác định trong SEQ ID NO:111, như chủng DGCC7710;

b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *ptsH*, ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *ptsH* mà trình tự của nó khác với trình tự của gen *ptsH* của chủng ở bước a);

c) lồng gen *ptsH* thu được ở bước b) thay cho gen *ptsH* của chủng DGCC7710, để thu được dẫn xuất DGCC7710; và

d) xác định tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của dẫn xuất DGCC7710, trong đó tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này có nghĩa là gen *ptsH* lồng vào là gen *ptsH* đột biến theo sáng chế. Theo phương án cụ thể, gen *ptsH* đột biến được xem là theo sáng chế khi tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của dẫn xuất DGCC7710 ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} hoặc ít nhất là 8×10^{-6} . Theo một phương án, tỷ lệ này nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Khi được nhận biết, gen *ptsH* đột biến – như được xác định trong bản mô tả này – có thể được đưa vào thay cho gen *ptsH* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, để thu được chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế.

VI. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế theo phương án bất kỳ trong số các phương án I đến V, còn mang đột biến trong gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza.

Ngoài đột biến bất kỳ trong số các đột biến được bộc lộ trên đây, như hoặc kết hợp, các tác giả sáng chế đã thể hiện rằng các đột biến bổ sung của gen trogn chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế gia tăng đáng kể mức glucoza giải phóng trong quá trình lên men sản phẩm từ sữa. Các tác giả sáng chế đã thể hiện rằng việc đưa gen đột biến mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, cụ thể là gen *manL* đột biến, gen *manM* đột biến hoặc gen *manN* đột biến, vào trong *Streptococcus thermophilus* như được xác định theo phương án I

đến V trên đây, dẫn đến sự hiệp đồng với mức giải phóng glucoza, nghĩa là nồng độ glucoza được giải phóng lớn hơn nhiều sự bổ sung nồng độ glucoza được giải phóng bằng cách sử dụng *Streptococcus thermophilus* như được xác định trong I đến V trên đây và nồng độ glucoza được giải phóng bằng cách sử dụng *Streptococcus thermophilus* chỉ đột biến trong gen này mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza.

Do đó, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza được chọn từ nhóm gồm chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong I, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong II, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong III, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong IV và chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong V, mà còn được đột biến thêm trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza. Theo một phương án, gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza là gen *manL*, gen *manM*, gen *manN* hoặc gen *manO*. Theo một phương án, gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza là gen *manL*, gen *manM*, gen *manN* hoặc gen *manO*. Theo một phương án, gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza là gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN*.

Cụm từ “được đột biến/đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza”, có nghĩa là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong một, hai hoặc ba gen được chọn từ nhóm gồm gen *manL*, gen *manM*, gen *manN* và gen *manO*. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong một, hai hoặc ba gen được chọn từ nhóm gồm gen *manL*, gen *manM* và gen *manN*. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong *manL*. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong *manM*. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong *manN*. Theo một phương án, chủng

Streptococcus thermophilus dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong *manL* và đột biến trong *manM*. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong *manL* và đột biến trong *manN*. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong *manM* và đột biến trong *manN*. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế mang đột biến trong *manL*, đột biến trong *manM* và đột biến trong *manN*.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* mã hoá glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và mang đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, một hoặc nhiều gen, cụ thể là gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza là gen *manL*, gen *manM* và/hoặc gen *manN*.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *ccpA* như được xác định trong bản mô tả này và mang đột biến trong một hoặc nhiều gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, một hoặc nhiều gen, cụ thể là gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza là gen *manL*, gen *manM* và/hoặc gen *manN*.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK* mã hoá glucokinaza, hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng này bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, như được xác định trong bản mô tả này, mang đột biến trong gen *ccpA* của nó như được xác định trong bản mô tả này và mang đột biến trong một hoặc nhiều

gen, cụ thể là một gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, một hoặc nhiều gen, cụ thể là gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza là gen *manL*, gen *manM* và/hoặc gen *manN*.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *lacZ* như được xác định trong bản mô tả này và mang đột biến trong gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, một hoặc nhiều gen, cụ thể là gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza là gen *manL*, gen *manM* và/hoặc gen *manN*.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *ptsH* như được xác định trong bản mô tả này và mang đột biến trong gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, một hoặc nhiều gen, cụ thể là gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza gen *manL*, gen *manM* và/hoặc gen *manN*.

Theo (các) đột biến trong gen *glcK*, gen *ccpA*, tổ hợp của gen *glcK* và gen *ccpA*, gen *lacZ* hoặc gen *ptsH* có liên quan, phương án bất kỳ trong số các phương án được bộc lộ trên đây theo I đến V cũng áp dụng tương tự cho chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza còn mang đột biến trong gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza của sáng chế, miễn là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza thu được dẫn đến tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này

Theo đột biến trong gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucose có liên quan, đột biến bất kỳ là phù hợp, cụ thể là đột biến bất kỳ mà làm giảm hoặc loại bỏ sự du nhập glucose từ môi trường vào trong vi khuẩn. Đột biến như vậy có thể thu được và được nhận biết bằng cách đưa gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucose vào trong chủng bất kỳ trong số các chủng của sáng chế được bộc lộ trong I đến V trên đây và xác định bằng thử nghiệm B nồng độ glucose trong sữa được lên men với chủng, trong đó mức gia tăng nồng độ glucose khi so với chủng của sáng chế theo I đến V có nghĩa là gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucose đột biến theo sáng chế.

Theo một phương án, đột biến của gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucose, cụ thể là của gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN*, là đột biến dẫn đến sự ngắt quãng gen (nghĩa là, phá vỡ hoàn toàn).

Theo một phương án, đột biến của gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucose, cụ thể là của gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* là đột biến của đoạn khởi đầu của gen, cụ thể là đột biến của đoạn khởi đầu của gen làm giảm hoặc ức chế sự sao chép của gen.

Theo một phương án, đột biến của gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucose, cụ thể là của gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN*, là đột biến được đưa vào trong trình tự mã của gen, cụ thể là đột biến dẫn đến sự giảm hoặc loại bỏ hoạt tính du nhập glucose của protein được mã hoá bởi gen đột biến, cụ thể là làm giảm hoặc loại bỏ hoạt tính du nhập glucose của IIB^{Man} protein, IIC^{Man} protein hoặc IID^{Man} protein.

Theo một phương án, đột biến của gen mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucose, cụ thể là của gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* là đột biến trong trình tự mã của gen, dẫn đến protein cắt cụt, lần lượt cụ thể là IIB^{Man} protein cắt cụt, IIC^{Man} protein cắt cụt hoặc IID^{Man} protein cắt cụt, cụ thể là protein cắt cụt (như IIB^{Man} protein cắt cụt, IIC^{Man} protein cắt cụt hoặc IID^{Man} protein cắt cụt) có hoạt tính du nhập glucose bị giảm hoặc bị loại bỏ. Bất kể vị trí cắt cụt, đột biến được đưa vào trong gen là sự thay thế nucleotit dẫn đến STOP codon hoặc loại bỏ, lồng vào hoặc loại bỏ/lồng vào dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở và STOP codon sớm. Theo một phương án, đột biến được đưa vào trong gen là sự thay thế nucleotit dẫn đến STOP codon. Theo một phương án, đột biến được đưa vào trong gen là sự loại bỏ, lồng vào

hoặc loại bớt/lồng vào dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở và STOP codon sớm.

Mặc dù hai chủng *Streptococcus thermophilus* có thể khác nhau về trình tự gen *manL*, *manM* hoặc *ManN* tương ứng của chúng, điều này không nhất thiết có nghĩa là một trong số các gen này được đột biến theo nghĩa của sáng chế. Thực vậy, không được xem là các đột biến của gen *manL*, *manM* hoặc *ManN* theo sáng chế:

- các biến thể ở mức nucleotit mà không dẫn đến thay đổi bất kỳ ở mức protein (biến thể câm) và không ảnh hưởng đến sự dịch mã của ARN *manL*, *manM* hoặc *ManN*;

- các biến thể ở mức nucleotit mà dẫn đến sự thay đổi ở mức protein, nhưng trong đó sự thay đổi này không dẫn đến sự giảm hoặc loại bỏ hoạt tính du nhập glucoza của protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucozơ; và

- các biến thể ở mức nucleotit mà dẫn đến sự thay đổi ở mức protein, nhưng trong đó sự thay đổi này không cho phép gia tăng mức giải phóng glucozơ khi được đưa vào trong chủng bất kỳ trong số các chủng của sáng chế được bộc lộ trong I đến V trên đây.

Các ví dụ không hạn chế về các gen *manL*, *manM* và *ManN* (lần lượt mã hoá IIAB^{Man} protein, IIC^{Man} protein và IID^{Man} protein) mà không được xem là đột biến theo nghĩa của sáng chế là:

- polynucleotit mã hoá IIAB^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO:122 (IIAB^{Man} typ ST1), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:121; IIAB^{Man} typ này là typ của chủng DGCC7710;

- *manL* polynucleotit mã lần lượt hoá IIAB^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO:124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152 và 154 (IIAB^{Man} typ ST2 đến ST17), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:121, 123, 125, 127, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151 và 153. Trình tự của IIAB^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO: 124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148, 150, 152 và 154 giống với SEQ ID NO:122 từ 98,4 đến 99,6%.

- polynucleotit mã hoá IIC^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO:174 (IIC^{Man} typ ST1), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:173; IIC^{Man} typ là typ của chủng DGCC7710;

- *manM* polynucleotit lần lượt mã hoá IIC^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO: 176, 178, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192, 194, 196, 198 và 200 (IIC^{Man} typ ST2 đến ST14), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:175, 177, 179, 181, 183, 185, 187, 189, 191, 193, 195, 197 và 199. Trình tự của IIC^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO: 176, 178, 180, 182, 184, 186, 188, 190, 192, 194, 196, 198 và 200 giống với SEQ ID NO:174 từ 98,5 đến 99,6%.

- polynucleotit mã hoá IID^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO:211 (IID^{Man} typ ST1), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:210; IID^{Man} typ này là typ của DGCC7710;

- *manN* polynucleotit lần lượt mã hoá IID^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO: 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 239, 241, 243, 245, 247 và 249 (IID^{Man} typ ST2 đến ST20), cụ thể là polynucleotit như được xác định trong SEQ ID NO:212, 214, 216, 218, 220, 222, 224, 226, 228, 230, 232, 234, 236, 238, 240, 242, 244, 246 và 248. Trình tự của IID^{Man} protein như được xác định trong SEQ ID NO: 213, 215, 217, 219, 221, 223, 225, 227, 229, 231, 233, 235, 237, 239, 241, 243, 245, 247 và 249 giống với SEQ ID NO:210 từ 97,3 đến 99,6%.

Các tác giả sáng chế đã nhận biết được ít nhất một đột biến trong gen *manL*, mà khi được lồng vào trong gen *manL* của chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu dương tính về lactoza, âm tính về galactoza [đột biến trong gen *glcK*, gen *ccpA*, cả gen *glcK* và gen *ccpA*, gen *lacZ* hoặc gen *ptsH* và có tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng này ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, như chủng bất kỳ trong số các chủng của sáng chế độc bộ lộ trong I đến V trên đây], cho phép gia tăng nồng độ glucoza khi so với chủng ban đầu, khi được thử nghiệm bằng thử nghiệm B.

Do đó, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK*, gen *ccpA*, cả gen *glcK* và gen *ccpA*, gen *lacZ* hoặc gen *ptsH* và đột biến trong gen *manL*, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là $4 \cdot 10^{-6}$ như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, đột biến trong gen *manL* dẫn đến cắt cụt IIAB^{Man} protein ở vị trí 305. Theo một phương án, đột biến trong gen

manL là sự thay thế nucleotit G bằng nucleotit T ở vị trí 916 (dẫn đến codon dừng ở vị trí 306). *Streptococcus thermophilus* IIAB^{Man} protein cắt cụt ở vị trí 305 trong bản mô tả này được dùng để chỉ IIAB^{Man}₃₀₅.

Theo một phương án, trình tự của IIAB^{Man} protein được cắt cụt ở vị trí 305 được chọn từ nhóm gồm:

- a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:156; và
- b) trình tự biến thể IIAB^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156, cụ thể có chiều dài 305 axit amin.

Để xác định biến thể IIAB^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156, tính tương tự hoặc giống nhau được tính toán trong bản mô tả này so với toàn bộ chiều sau của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng gốc axit amin tương tự hoặc giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của trình tự]. Theo một phương án, trình tự biến thể IIAB^{Man} có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156. Theo một phương án, trình tự biến thể IIAB^{Man} có ít nhất 95% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156. Theo một phương án, trình tự biến thể IIAB^{Man} có ít nhất 97% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156. Theo một phương án, trình tự biến thể IIAB^{Man} có ít nhất 98% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156.

Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIAB^{Man} khác với SEQ ID NO: 156 khoảng từ 1 đến 30 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIAB^{Man} khác với SEQ ID NO: 156 khoảng từ 1 đến 20 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIAB^{Man} khác với SEQ ID NO: 156 khoảng từ 1 đến 15 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIAB^{Man} khác với SEQ ID NO: 156 khoảng từ 1 đến 10 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIAB^{Man} khác với SEQ ID NO: 156 by 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 hoặc 10 thay thế axit amin. Theo một phương án, trình tự của IIAB^{Man} protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 156 đến 172.

Theo một phương án, gen *manL* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa IIAB^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO:156 và trình tự biến thể IIAB^{Man} bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID

NO:157 đến 172). Theo một phương án, gen *manL* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là như được xác định trong SEQ ID NO:155.

Các tác giả sáng chế đã nhận biết được ít nhất một đột biến trong gen *manM*, mà khi được lồng vào trong gen *manL* của chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu dương tính về lactoza, âm tính về galactoza [đột biến trong gen *glcK*, gen *ccpA*, cả gen *glcK* và gen *ccpA*, gen *lacZ* hoặc gen *ptsH* và có tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng này ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, chủng bất kỳ trong số các chủng của sáng chế được mô tả trong I đến V trên đây], cho phép gia tăng nồng độ glucoza khi so với chủng ban đầu, nồng độ khi được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Do đó, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK*, gen *ccpA*, cả gen *glcK* và gen *ccpA*, gen *lacZ* hoặc gen *ptsH* và đột biến trong gen *manM*, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, đột biến trong gen *manM* dẫn đến cắt cụt IIC^{Man} protein ở vị trí 208. Theo một phương án, đột biến trong gen *manM* là sự thay thế nucleotit G bằng nucleotit T ở vị trí 625 (dẫn đến codon dừng ở vị trí 209). *Streptococcus thermophilus* IIC^{Man} protein cắt cụt ở vị trí 208 trong bản mô tả này được dùng để chỉ IIC^{Man}₂₀₈.

Theo một phương án, trình tự của IIC^{Man} protein được cắt cụt ở vị trí 208 được chọn từ nhóm gồm:

- a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:202; và
- b) trình tự biến thể IIC^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 202, cụ thể có chiều dài 208 axit amin.

Để xác định biến thể IIC^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 202, tính tương tự hoặc giống nhau được tính toán trong bản mô tả này so với toàn bộ chiều sau của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng gốc axit amin tương tự hoặc giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của trình tự]. Theo một phương án, trình tự biến thể IIC^{Man} có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 202. Theo một phương án, trình tự biến thể IIC^{Man} có ít nhất 95%

tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 202. Theo một phương án, trình tự biến thể IIC^{Man} có ít nhất 97% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 202. Theo một phương án, trình tự biến thể IIC^{Man} có ít nhất 98% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 202.

Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIC^{Man} khác với SEQ ID NO: 202 khoảng 1 đến 30 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIC^{Man} khác với SEQ ID NO: 202 khoảng từ 1 đến 20 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIC^{Man} khác với SEQ ID NO: 202 khoảng từ 1 đến 15 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIC^{Man} khác với SEQ ID NO: 202 khoảng từ 1 đến 10 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IIC^{Man} khác với SEQ ID NO: 202 by 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 hoặc 10 thay thế axit amin. Theo một phương án, trình tự của IIC^{Man} protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 202 đến 209.

Theo một phương án, gen *manM* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa IIC^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 202 và trình tự biến thể IIC^{Man} bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 202 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 203 đến 209). Theo một phương án, gen *manM* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế là như được xác định trong SEQ ID NO: 201.

Các tác giả sáng chế đã nhận biết được ít nhất một đột biến trong gen *manN*, mà khi được lồng vào trong gen *manN* của chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu dương tính về lactoza, âm tính về galactoza [đột biến trong gen *glcK*, gen *ccpA*, cả gen *glcK* và gen *ccpA*, gen *lacZ* hoặc gen *ptsH* và có tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng này ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, như chủng bất kỳ trong số các chủng của sáng chế được mô tả trong I đến V trên đây], cho phép gia tăng nồng độ glucoza khi so với chủng ban đầu, nồng độ khi được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Do đó, sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mang đột biến trong gen *glcK*, gen *ccpA*, cả gen *glcK* và gen *ccpA*, gen *lacZ* hoặc gen *ptsH* và đột biến trong gen *manN*, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt

tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^6 như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, đột biến trong gen *manN* dẫn đến cắt đứt IID^{Man} protein ở vị trí 28. Theo một phương án, đột biến trong gen *manN* là sự lồng vào của nucleotit A khi kéo căng 5 nucleotit A ở vị trí 37-41 (dẫn đến kéo căng 6 nucleotit A, sự dịch chuyển khung và cắt đứt IID^{Man} protein ở vị trí 28). *Streptococcus thermophilus* IID^{Man} protein cắt đứt ở vị trí 28 ở đây được dùng để chỉ IID^{Man}₂₈.

Theo một phương án, trình tự của IID^{Man} protein được cắt đứt ở vị trí 28 được chọn từ nhóm gồm:

A) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:251; và

b) trình tự biến thể IID^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 251, cụ thể có chiều dài 28 axit amin.

Để nhận biết biến thể IID^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 251, tính tương tự hoặc giống nhau được tính toán trong bản mô tả này so với toàn bộ chiều sau của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng gốc axit amin tương tự hoặc giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của trình tự]. Theo một phương án, trình tự biến thể IID^{Man} có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 251. Theo một phương án, trình tự biến thể IID^{Man} có ít nhất 95% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 251. Theo một phương án, trình tự biến thể IID^{Man} có ít nhất 96% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 251. Theo một phương án, trình tự biến thể IID^{Man} có ít nhất 97% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 251.

Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IID^{Man} khác với SEQ ID NO: 251 khoảng từ 1 đến 10 thay thế axit amin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể IID^{Man} khác với SEQ ID NO: 251 by 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 hoặc 10 thay thế axit amin. Theo một phương án, trình tự IID^{Man} protein của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 251 đến 255.

Theo một phương án, gen *manN* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế mã hóa IID^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 251 và trình tự biến thể IID^{Man} bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO: 251 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID

NO:252 đến 255). Theo một phương án, gen *manN* được mang bởi chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 250.

Như được đặc trưng bởi tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế còn được đột biến trong gen mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza (được xác định trong VI trong bản mô tả này) còn có thể được đặc trưng bởi khả năng giải phóng glucoza của nó khi được sử dụng để lên men sữa.

Do đó, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, còn được đột biến trong gen mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza (được xác định trong VI trong bản mô tả này), còn được đặc trưng bởi thực tế rằng nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 80 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 90 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 100 mM. Theo phương án cụ thể, nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng *Streptococcus thermophilus* như được đánh giá bằng thử nghiệm B được chọn từ nhóm gồm nồng độ với ít nhất là 80 mM, ít nhất là 90 mM, và ít nhất là 100 mM.

Phương pháp bất kỳ có thể được sử dụng để nhận biết đột biến trong gen mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, cụ thể là trong gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* thích hợp trong chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế.

Là một ví dụ, để thu được và nhận biết đột biến thích hợp trong gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN*, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau:

- a) cung cấp chủng DSM32587 (đột biến trong gen *glck* của nó)
- b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *manL*, *manM* hoặc *manN* của chủng ở bước a), ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen

manL, *manM* hoặc *manN*, trình tự của nó khác với trình tự của gen *manL*, *manM* hoặc *manN* của DSM32587, để thu được chủng DSM32587 đột biến *man*;

c) xác định tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng DSM32587 đột biến *man* thu được ở bước b), và lựa chọn chủng DSM32587 đột biến *man* thể hiện tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này; và

d) xác định bằng thử nghiệm B nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng DSM32587 đột biến *man* được lựa chọn ở bước c), trong đó

d1) nồng độ glucoza ít nhất là 80 Mm có nghĩa là gen *manL*, *manM* hoặc *manN* đột biến là theo sáng chế. Theo một phương án, gen *manL*, *manM* hoặc *manN* đột biến được xem là theo sáng chế khi nồng độ glucoza đo được ở bước d) ít nhất là 90 mM hoặc ít nhất là 100 mM, hoặc

d2) sự gia tăng nồng độ glucoza thu được với chủng DSM32587 đột biến *man* được lựa chọn ở bước c) khi so với chủng DSM32587, có nghĩa là gen *manL*, *manM* hoặc *manN* đột biến là theo sáng chế.

Theo cách khác, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này có thể thực hiện phương pháp sau:

a) cung cấp chủng DGCC7710 trong đó gen *ccpA* của nó được thay thế bằng gen *ccpA* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}), trong bản mô tả này được gọi là chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120};

b) thực hiện phát sinh đột biến trên gen *manL*, *manM* hoặc *manN* của chủng ở bước a), ví dụ bằng cách phát sinh đột biến ngẫu nhiên hoặc trực tiếp, để thu được gen *manL*, *manM* hoặc *manN*, trình tự của nó khác với trình tự của gen *manL*, *manM* hoặc *manN* của chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}, để thu được chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *man*;

c) xác định tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *man* thu được ở bước b), và lựa chọn chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *man* thể hiện tỷ lệ ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này; và

d) xác định bằng thử nghiệm B nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *man* được lựa chọn ở bước c), trong đó

d1) nồng độ glucoza ít nhất là 80 mM có nghĩa là gen *manL*, *manM* hoặc *manN* đột biến là theo sáng chế. Theo một phương án, gen *manL*, *manM* hoặc *manN* đột biến được xem là theo sáng chế khi nồng độ glucoza đo được ở bước d) ít nhất là 90 mM hoặc ít nhất là 100 mM; hoặc

d2) sự gia tăng nồng độ glucoza thu được với chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} đột biến *man* được lựa chọn ở bước c) khi so với chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}, có nghĩa là gen *manL*, *manM* hoặc *manN* đột biến là theo sáng chế.

Theo phương pháp nêu trên, cụm từ “gia tăng nồng độ glucoza” hoặc “gia tăng nồng độ glucoza” khi so với chủng [ban đầu] tham chiếu ở bước d) có nghĩa là nồng độ glucoza của chủng thử nghiệm mà ít nhất là 150%, ít nhất là 200%, ít nhất là 300%, ít nhất là 400% hoặc ít nhất là 500% nồng độ glucoza của chủng [ban đầu] tham chiếu, khi cả hai chủng được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Theo một phương án, cụm từ “gia tăng nồng độ glucoza” khi so với chủng DSM32587 ở bước d) có nghĩa là nồng độ glucoza của chủng thử nghiệm [đột biến trong gen *manL*, *manM* hoặc *manN*] mà ít nhất là 150%, ít nhất là 200% hoặc ít nhất là 300%, nồng độ glucoza chủng DSM32587, khi cả hai chủng được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Theo một phương án, cụm từ “gia tăng nồng độ glucoza” khi so với dẫn xuất DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} ở bước d) có nghĩa là nồng độ glucoza của chủng thử nghiệm [đột biến trong gen *manL*, *manM* hoặc *manN*] mà ít nhất là 150%, ít nhất là 200%, ít nhất là 300%, ít nhất là 400% hoặc ít nhất là 500% nồng độ glucoza của dẫn xuất DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}, khi cả hai chủng được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Khi được nhận biết, gen *manL*, *manM* hoặc *manN* đột biến theo sáng chế có thể được đưa vào thay cho *manL*, *manM* hoặc *manN* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, được xác định theo các phương án I, II, III, IV hoặc V trên đây.

Các ví dụ về một số chủng của sáng chế

Sáng chế đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* DSM32587 được lưu trữ ở DSMZ vào ngày 15 tháng 8 năm 2017, hoặc biến thể bất kỳ của nó. Chủng DSM32587, mang gen *glcK* như được xác định trong SEQ ID NO:21 (mã hóa glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:22), đã thể hiện có hoạt tính

glucokinaza trong chủng 907 U/g tổng dịch chiết protein, Vmax trong chủng này là 914 U/g tổng dịch chiết protein, trong khi giải phóng trong sữa lên men 29 mM glucoza (như được đánh giá lần lượt bằng thử nghiệm A, thử nghiệm C và thử nghiệm B).

Biến thể của chủng DSM32587 được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza thu được từ chủng DSM32587 và mang cùng gen *glcK* (SEQ ID NO:21) như chủng DSM32587, và trong đó hoạt tính glucokinaza trong chủng này hoàn toàn đáp ứng dấu hiệu “*giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” của hoạt tính glucokinaza như được xác định trong bản mô tả này và đáp ứng dấu hiệu “*giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” của Vmax của glucokinaza như được xác định trong bản mô tả này.

Theo một phương án, biến thể của chủng DSM32587 thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Theo phương án cụ thể, biến thể của chủng DSM32587 biểu hiện GlcK protein như được xác định trong SEQ ID NO:22, hoạt tính glucokinaza của nó trong biến thể này nằm trong khoảng từ 800 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein như được đánh giá bằng thử nghiệm A và Vmax của glucokinaza trong chủng này nằm trong khoảng từ 800 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein như được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Theo phương án cụ thể, biến thể DSM32587 của sáng chế còn được đặc trưng bởi thực tế rằng nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng variant như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là 20 mM. Theo phương án cụ thể, biến thể DSM32587 của sáng chế được đặc trưng bởi thực tế rằng nồng độ glucoza trong sữa được lên men với biến thể chủng như được đánh giá bằng thử nghiệm B, ít nhất là nồng độ glucoza trong sữa được lên men với chủng DSM32587 như được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Các ví dụ không hạn chế về các biến thể ví dụ là biến thể CRISPR, nghĩa là các biến thể của chủng DSM32587 có một hoặc nhiều locut CRISPR được cải biến bằng cách lồng vào và/hoặc loại bớt một hoặc nhiều vùng đệm (khi so với các locut CRISPR của chủng DSM32587).

Sáng chế cũng đề cập đến chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza sau đây:

- chủng tương ứng với chủng DSM32587 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này dưới dạng chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} ;

- chủng tương ứng với chủng DSM32587 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *manL* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:155 (mã hóa IIAB^{Man}_{305STOP}) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *manL* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm which ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} ;

- chủng tương ứng với chủng DSM32587 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *manM* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:201 (mã hóa IIC^{Man}₂₀₈) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *manM* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm which ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} ;

- chủng tương ứng với chủng DSM32587 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *manN* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:250 (mã hóa IID^{Man}₂₈) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng

Streptococcus thermophilus dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *manN* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} ;

- chủng tương ứng với chủng DSM32587 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và trình tự mã của gen *manL* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:155 (mã hóa IIAB^{Man}_{305STOP}) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và cùng gen *manL* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm which ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} ;

- chủng tương ứng với chủng DSM32587 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và trình tự mã của gen *manM* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:201 (mã hóa IIC^{Man}₂₀₈) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và cùng gen *manM* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} ;

- chủng tương ứng với chủng DSM32587 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và trình tự mã của gen *manN* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:250 (mã hóa IID^{Man}₂₈) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và gen *manN* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt

tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} ;

- chủng tương ứng với chủng DSM28255 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} .

- chủng tương ứng với chủng DSM28255 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và trình tự mã của gen *manL* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:155 (mã hóa IIAB^{Man}_{305STOP}) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và cùng gen *manL* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} .

- chủng tương ứng với chủng DSM28255 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và trình tự mã của gen *manM* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:201 (mã hóa IIC^{Man}₂₀₈) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và cùng gen *manM* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} .

- chủng tương ứng với chủng DSM28255 mà trong đó trình tự mã hóa của gen *ccpA* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:71 (*ccpA*_{Δ1A114-120}) và trình tự mã của gen *manN* được thay thế bằng trình tự như được nêu trong SEQ ID NO:250 (mã hóa IID^{Man}₂₈) và các biến thể của nó; biến thể được xác định trong bản mô tả này là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza mang cùng gen *ccpA* đột biến và cùng gen *manN* đột biến và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E, mà trị số tối thiểu của nó được chọn từ nhóm gồm which ít nhất là 4×10^{-6} , ít nhất là 5×10^{-6} , ít nhất là 6×10^{-6} , ít nhất là 7×10^{-6} và ít nhất là 8×10^{-6} , và tùy ý trị số tối đa của nó nhỏ hơn 8×10^{-3} .

Theo phương án cụ thể, trình tự hệ gen của biến thể của chủng như được xác định trong bản mô tả này có sự giống nhau ít nhất là 90%, với trình tự hệ gen của chủng mà biến thể thu được từ, cụ thể là giống nhau ít nhất là 90%, ít nhất là 91%, ít nhất là 95%, ít nhất là 93%, ít nhất là 94%, ít nhất là 95%, ít nhất là 96%, ít nhất là 97%, ít nhất là 98%, ít nhất là 99%, ít nhất là 99,1%, ít nhất là 99,2%, ít nhất là 99,3%, ít nhất là 99,4%, ít nhất là 99,5%, ít nhất là 99,6%, ít nhất là 99,7%, ít nhất là 99,8%, ít nhất là 99,9%, ít nhất là 99,92%, ít nhất là 99,94%, ít nhất là 99,96%, ít nhất là 99,98%, hoặc ít nhất là 99,99% với trình tự hệ gen của chủng mà biến thể thu được từ đó. Sự giống nhau được mô tả khi so sánh hai trình tự hệ gen so với chiều dài đầy đủ (sự căn chỉnh tổng thể), và có thể được tính toán bằng cách sử dụng chương trình bất kỳ dựa vào thuật toán Needleman-Wunsch.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế không mang gen *glcK* mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144 (nghĩa là, codon 144 của gen *glcK* không mã hóa đối với serin), với ngoại trừ chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza được chọn từ nhóm gồm:

a) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza như được xác định trong III, gen *glcK* mà mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144; và

b) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza như được xác định trong VI, mà gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế mang gen *glcK* mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144, với loại trừ chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza được chọn từ nhóm gồm:

a) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, mà gen *ccpA* của nó đột biến như được xác định trong III và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144;

b) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, mà gen *manL* của nó đột biến như được xác định trong VI và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144;

c) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, mà gen *manM* của nó đột biến như được xác định trong VI và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144; và

d) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, mà gen *manN* của nó đột biến như được xác định trong VI và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế không mang gen *glcK* mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144, với loại trừ chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza được chọn từ nhóm gồm:

a) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, mà gen *ccpA* của nó như được xác định trong SEQ ID NO:71 và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144;

b) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, mà gen *manL* của nó mã hóa đối với IIAB^{Man} được cắt cụt ở vị trí 305, như vị trí được xác định trong SEQ ID NO:156 và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144;

c) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, gen *manM* của nó mã hóa đối với IIC^{Man} được cắt cụt ở vị trí 208, như vị trí được xác định trong SEQ ID NO:202 và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144;

d) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza, mà gen *manN* của nó mã hóa đối với IID^{Man} được cắt cụt ở vị trí 28, như vị trí được xác định trong SEQ ID NO:251 và gen *glcK* của nó mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144;

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế như được xác định trong I trên đây không mang gen *glcK* mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế không mang gen *glcK* mã hóa đối với glucokinaza có serin ở vị trí 144.

Chế phẩm, phương pháp và sử dụng với chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế

Sáng chế cũng đề cập đến chế phẩm vi khuẩn bao gồm hoặc chứa ít nhất một, cụ thể một chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế. Theo phương án cụ thể, chế phẩm vi khuẩn là môi trường nuôi cấy tinh khiết, nghĩa là, bao gồm hoặc gồm có một chủng vi khuẩn. Theo phương án khác, chế phẩm vi khuẩn là môi trường nuôi cấy hỗn hợp, nghĩa là, bao gồm hoặc gồm có chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế và ít nhất một chủng vi khuẩn khác. Thuật ngữ “ít nhất là” (tham chiếu đến chủng hoặc vi khuẩn), có nghĩa là 1 hoặc một và cụ thể là 1, 2, 3, 4 hoặc 5 chủng.

Do đó, theo một phương án, chế phẩm vi khuẩn của sáng chế bao gồm hoặc gồm chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với (các) galactoza của sáng chế và ít nhất một vi khuẩn axit lactic thuộc loài được chọn từ nhóm gồm loài *Lactococcus*, loài *Streptococcus*, loài *Lactobacillus* bao gồm *Lactobacillus acidophilus*, loài *Enterococcus*, loài *Pediococcus*, loài *Leuconostoc*, loài *Bifidobacterium* và loài *Oenococcus* tổ hợp bất kỳ của chúng. Các loài *Lactococcus* bao gồm *Lactobacillus acidophilus* và *Lactococcus lactis*, bao gồm *Lactococcus lactis* subsp. *lactis*, *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris* và *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* biovar *diacetylactis*. Các loài *Bifidobacterium* bao gồm *Bifidobacterium animalis*, cụ thể là *Bifidobacterium animalis* subsp *lactis*. Các loài vi khuẩn axit lactic bao gồm

Leuconostoc sp., *Streptococcus thermophilus*, *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*, và *Lactobacillus helveticus*.

Theo một phương án, chế phẩm vi khuẩn bao gồm hoặc gồm chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với (các) galactoza của sáng chế, và ít nhất là một chủng *Streptococcus thermophilus*, khác với (các) chủng *S. thermophilus* của sáng chế và/hoặc ít nhất là một chủng thuộc loài *Lactobacillus* và/hoặc tổ hợp bất kỳ của chúng. Theo phương án cụ thể, chế phẩm vi khuẩn bao gồm hoặc gồm (các) chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, một hoặc một vài chủng thuộc loài *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus* và/hoặc một hoặc một vài chủng thuộc loài *Lactobacillus helveticus* và/hoặc tổ hợp bất kỳ của chúng và tùy ý ít nhất một chủng *Streptococcus thermophilus*, khác với (các) chủng *S. thermophilus* của sáng chế. Theo phương án cụ thể, chế phẩm vi khuẩn bao gồm hoặc gồm (các) chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, ít nhất là một chủng thuộc loài *Streptococcus thermophilus*, khác với (các) chủng *S. thermophilus* của sáng chế, và chủng thuộc loài *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*. Theo phương án cụ thể khác, chế phẩm vi khuẩn bao gồm hoặc gồm (các) chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, và chủng thuộc loài *Lactobacillus delbrueckii* subsp. *bulgaricus*.

Theo một phương án, chế phẩm vi khuẩn bao gồm hoặc gồm (các) chủng *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* và/hoặc *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris*.

Theo phương án cụ thể về chế phẩm vi khuẩn bất kỳ được xác định trong bản mô tả này, dưới dạng môi trường nuôi cấy tinh khiết hoặc hỗn hợp, chế phẩm vi khuẩn còn bao gồm ít nhất một chủng lợi khuẩn như *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis*, *Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus paracasei*, hoặc *Lactobacillus casei*.

Theo phương án cụ thể, chế phẩm vi khuẩn, dưới dạng môi trường nuôi cấy tinh khiết hoặc hỗn hợp như được xác định trên đây ở dạng đông lạnh, làm khô, đông-khô, dung dịch hoặc dạng rắn, ở dạng viên hoặc viên đông lạnh hoặc ở dạng bột hoặc bột khô. Theo phương án cụ thể, chế phẩm vi khuẩn của sáng chế ở dạng đông lạnh hoặc ở dạng viên hoặc viên đông lạnh, cụ thể được chứa trong một hoặc nhiều hộp hoặc gói. Theo phương án khác, chế phẩm vi khuẩn như được xác định trong bản mô tả này ở dạng bột, như bột khô hoặc đông-khô, cụ thể là chứa trong một hoặc nhiều hộp hoặc gói.

Theo phương án cụ thể, chế phẩm vi khuẩn của sáng chế, dưới dạng môi trường nuôi cấy tinh khiết hoặc hỗn hợp như được xác định trên đây, và bất kể dạng (đông lạnh, khô, đông-khô, dung dịch hoặc dạng rắn, ở dạng viên hoặc viên đông lạnh hoặc ở dạng bột hoặc bột khô) bao gồm chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với (các) galactoza của sáng chế ở nồng độ nằm trong khoảng từ 10^5 đến 10^{12} cfu (đơn vị tạo khuẩn lạc) cho mỗi gam chế phẩm vi khuẩn. Theo phương án cụ thể, nồng độ của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với (các) galactoza trong chế phẩm vi khuẩn của sáng chế nằm trong khoảng từ 10^7 đến 10^{12} cfu cho mỗi gam chế phẩm vi khuẩn và cụ thể là ít nhất là 10^7 , ít nhất là 10^8 , ít nhất là 10^9 , ít nhất là 10^{10} hoặc ít nhất là 10^{11} CFU/g chế phẩm vi khuẩn. Theo phương án cụ thể, khi ở dạng phần cô đặc đông lạnh hoặc khô, nồng độ của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với (các) galactoza – dưới dạng môi trường nuôi cấy tinh khiết hoặc hỗn hợp - trong chế phẩm vi khuẩn nằm trong khoảng từ 10^8 đến 10^{12} cfu/g phần cô đặc đông lạnh hoặc phần cô đặc khô và tốt hơn nữa nếu ít nhất là 10^8 , ít nhất là 10^9 , ít nhất là 10^{10} , ít nhất là 10^{11} hoặc ít nhất là 10^{12} cfu/g phần cô đặc đông lạnh hoặc phần cô đặc khô.

Sáng chế còn đề cập đến phương pháp sản xuất sản phẩm lên men, trong đó phương pháp này bao gồm các bước a) tiêm truyền cơ chất với chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với (các) galactoza của sáng chế và b) lên men cơ chất đã tiêm truyền, để thu được sản phẩm lên men. Theo phương án cụ thể, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với (các) galactoza của sáng chế được tiêm truyền dưới dạng chế phẩm vi khuẩn như được xác định trong bản mô tả này, như dưới dạng môi trường nuôi cấy tinh khiết hoặc hỗn hợp. Theo một phương án, cơ chất mà trong đó (các) chủng *S. thermophilus* hoặc chế phẩm vi khuẩn của sáng chế được bổ sung vào là cơ chất sữa. Thuật ngữ “cơ chất sữa”, có nghĩa là sữa có nguồn gốc từ động vật và/hoặc thực vật. Theo phương án cụ thể, cơ chất sữa có nguồn gốc từ động vật, như bò sữa, dê, cừu, trâu, ngựa vằn, ngựa, lừa, hoặc lạc đà và các động vật tương tự. Sữa có thể ở trạng thái nguyên thể, sữa hoàn nguyên, sữa không kem hoặc sữa được bổ sung các hợp chất cần thiết cho sự sinh trưởng của vi khuẩn hoặc để xử lý tiếp theo sữa lên men. Do đó, theo phương án cụ thể, sáng chế còn đề xuất phương pháp sản xuất sản phẩm từ sữa lên men, phương pháp này bao gồm các bước a) tiêm truyền cơ chất sữa với chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza,

âm tính với (các) galactosa hoặc chế phẩm vi khuẩn của sáng chế và b) lên men cơ chất sữa đã tiệt trùng, để thu được sản phẩm từ sữa lên men.

Sáng chế còn đề cập đến việc sử dụng chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactosa, âm tính về (các) galactosa của sáng chế hoặc chế phẩm của sáng chế, để sản xuất sản phẩm từ sữa lên men.

Sáng chế còn đề cập đến sản phẩm từ sữa lên men, mà thu được bằng cách sử dụng chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactosa, âm tính với (các) galactosa của sáng chế hoặc chế phẩm vi khuẩn của sáng chế, cụ thể thu được hoặc có thể thu được bằng phương pháp của sáng chế. Do đó, sáng chế đề cập đến sản phẩm từ sữa lên men bao gồm chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactosa, âm tính với (các) galactosa của sáng chế. Theo phương án cụ thể, sản phẩm thực phẩm từ sữa lên men của sáng chế sữa tươi lên men. Theo phương án cụ thể, sản phẩm từ sữa lên men của sáng chế - cụ thể sữa tươi lên men như được xác định trong bản mô tả này – chứa chủng DSM32587 được lưu trữ ở DSMZ vào ngày 15 tháng 8 năm 2017 hoặc biến thể bất kỳ của nó như được xác định trong bản mô tả này.

Protein, axit nucleic, vector, cấu trúc và sử dụng chúng

Sáng chế còn đề cập đến glucokinaza của *Streptococcus thermophilus*, mà hoạt tính glucokinaza của nó bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710. Để thử nghiệm glucokinaza đó của sáng chế đáp ứng hoàn toàn dấu hiệu hoạt tính glucokinaza “giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” trong dẫn xuất DGCC7710, gen *glcK* của chủng DGCC7710 được thay thế bằng gen *glcK* mã hóa glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được đánh giá để thu được dẫn xuất của DGCC7710, và dẫn xuất DGCC7710 được đánh giá bằng thử nghiệm A (xem ví dụ 4).

Glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* đáp ứng hoàn toàn dấu hiệu hoạt tính glucokinaza “giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” trong dẫn xuất DGCC7710, khi

a) hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A, cụ thể nằm trong khoảng từ 300 đến 1200 U/g hoặc từ 400 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A, hoặc

b) hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 5 đến 60 % hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm A, cụ thể nằm trong khoảng từ 10 đến 50 % hoặc từ 15 đến 40% hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710, trong đó hoạt tính glucokinaza trong dẫn xuất DG7710 và hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 được đánh giá bằng thử nghiệm A.

Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 300 đến 1200 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 400 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ trị số tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 200, 300 và 400 U/g tổng dịch chiết protein đến trị số tối đa được chọn từ nhóm gồm 1000, 1200 và 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Cần phải biết rằng, như được nêu trong thử nghiệm A, trị số hoạt tính glucokinaza được bộc lộ trong bản mô tả này là trị số trung bình của ba thử nghiệm (ba lần).

Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 5 đến 60% hoạt tính của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014. Thuật ngữ “hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710” có nghĩa là hoạt tính của chủng DGCC7710 glucokinaza (nghĩa là, với SEQ ID NO:2) như được đánh giá bằng thử nghiệm A trong chủng DGCC7710 [nghĩa là, thử nghiệm A được thực hiện bằng cách sử dụng chủng DGCC7710]. Trị số tỷ lệ phần trăm được tính toán dựa vào hoạt tính glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 và hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710, cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm A.

Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 5 đến 60% hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 10 đến 50% hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 15 đến 40% hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ trị số phần trăm tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 5, 10 và 15 % hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 và trị số phần trăm tối đa được chọn từ nhóm gồm 40, 50 và 60 % hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể và bất kể khoảng tỷ lệ phần trăm, hoạt tính glucokinaza của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được đánh giá trong dẫn xuất DGCC7710 bằng thử nghiệm A như được mô tả trong bản mô tả này. Cần phải biết rằng các trị số tỷ lệ phần trăm được bộc lộ trong bản mô tả này được tính toán dựa vào trị số hoạt tính glucokinaza mà là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập (ba lần) như được đánh giá bằng thử nghiệm A.

Dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong dẫn xuất DGCC7710 bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” cũng có thể được đặc trưng, trong dẫn xuất DGCC7710, bởi vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza (V_{max}) hoặc bởi ái lực của glucokinaza (được gọi là K_m) đối với một hoặc hai cơ chất của nó, nghĩa là, glucoza và ATP. Theo một phương án, dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710*” của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế còn được đặc trưng bởi vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza này trong dẫn xuất DGCC7710.

Do đó, kết hợp với phương án về dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong dẫn xuất DGCC7710 bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” được xác định trong bản mô tả này, vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710. Để thử nghiệm glucokinaza của sáng chế mà đáp ứng hoàn toàn dấu hiệu V_{max} “*giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” trong chủng DGCC7710, khung đọc mở của

gen *glcK* của chủng DGCC7710 được thay thế bằng khung đọc mở của gen *glcK* mã hóa glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được đánh giá để thu được dẫn xuất của DGCC7710, và dẫn xuất DGCC7710 được đánh giá bằng thử nghiệm C (xem ví dụ 4). Cụm từ “dẫn xuất DGCC7710” như được xác định trên đây.

Dấu hiệu “giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710” về V_{max} của glucokinaza của sáng chế có thể được xác định bằng một hoặc hai tham số này:

- V_{max} của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C;

- V_{max} của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 5 đến 60 % V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Theo phương án cụ thể, sáng chế đề cập đến glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, mà hoạt tính glucokinaza của nó trong dẫn xuất DGCC7710 bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu (như được xác định trong bản mô tả này) và trong đó vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza này trong dẫn xuất DGCC7710 bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu, và được xác định bởi một hoặc hai tham số:

- V_{max} của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C;

- V_{max} của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 5 đến 60 % V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710 được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Theo phương án cụ thể, V_{max} của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C. Theo phương án cụ thể, V_{max} của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 300 đến 1200 U/g tổng dịch chiết protein, như

được đánh giá bằng thử nghiệm C. Theo phương án cụ thể, Vmax của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 400 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein. Theo phương án cụ thể, Vmax của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ trị số tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 200, 300 và 400 U/g tổng dịch chiết protein đến trị số tối đa được chọn từ nhóm gồm 1000, 1200 và 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C.

Theo phương án cụ thể, Vmax của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* glucokinaza của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 10 đến 50 % Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C. Thuật ngữ “Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710” có nghĩa là Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710 (nghĩa là, với SEQ ID NO:2) như được đánh giá bằng thử nghiệm C trong chủng DGCC7710 [nghĩa là, thử nghiệm C được thực hiện bằng cách sử dụng chủng DGCC7710]. Trị số tỷ lệ phần trăm được tính toán dựa vào Vmax của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 và Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710, cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C. Theo phương án cụ thể, Vmax của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ 15 đến 40% Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710. Theo phương án cụ thể, Vmax của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế trong dẫn xuất DGCC7710 nằm trong khoảng từ trị số phần trăm tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 5, 10 và 15 % Vmax của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 và tỷ lệ phần trăm tối đa được chọn từ nhóm gồm 40, 50 và 60 % Vmax của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710.

Theo một phương án, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý Vmax giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 có ở vị trí 275 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:25) axit amin mà không phải axit glutamic (nghĩa là, là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic). Theo một phương án, trình tự glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất

DGCC7710 có ở vị trí 275 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:25) axit amin mà không phải axit amin axit (*nghĩa là*, là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit). Theo một phương án, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý Vmax giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 có ở vị trí 275 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:25) axit amin mà được chọn từ nhóm gồm lysin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó. Theo một phương án, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 có ở vị trí 275 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:25) axit amin mà là lysin. Theo phương án cụ thể, glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có chiều dài 322 axit amin. Theo một phương án, khi glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* có ở vị trí 275 của nó axit amin mà không phải axit glutamic (cụ thể không phải axit amin axit, cụ thể là lysin), glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* có arginin ở vị trí 278 của nó và/hoặc serin ở vị trí 279 của nó.

Theo một phương án, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý giảm đáng kể nhưng không vô hiệu Vmax trong dẫn xuất DGCC7710 có ở vị trí 144 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:46) axit amin mà không phải glyxin (*nghĩa là*, là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin). Theo một phương án, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 có ở vị trí 144 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:46) axit amin mà không phải axit amin béo (*nghĩa là*, là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo). Theo một phương án, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý giảm đáng kể nhưng không vô hiệu Vmax trong dẫn xuất DGCC7710 có ở vị trí 144 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:46) axit amin mà được chọn từ nhóm gồm serin và

axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó. Theo một phương án, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 có ở vị trí 144 của nó (đánh số dựa vào trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:46) axit amin là serin. Theo phương án cụ thể, glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có chiều dài 322 axit amin.

Theo phương án cụ thể, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 và tùy ý giảm đáng kể nhưng không vô hiệu trong dẫn xuất DGCC7710 được chọn từ nhóm gồm:

a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:25, trong đó axit amin ở vị trí 275 là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin; và

b) trình tự biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK có chiều dài 322 axit amin. Theo một phương án, biến thể GlcK có arginin ở vị trí 278 của nó và/hoặc serin ở vị trí 279 của nó.

c) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:46, trong đó axit amin ở vị trí 144 là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin; và

d) trình tự biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK có chiều dài 322 axit amin.

Để xác định biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, tính tương tự hoặc giống nhau được tính toán trong bản mô tả này so với toàn bộ chiều sau của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng gốc axit amin tương tự hoặc giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của trình tự]; vị trí 275 như được

xác định trong SEQ ID NO:25 không được xem xét để tính toán tính tương tự hoặc giống nhau. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 95% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 97% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin.

Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:25 khoảng từ 1 đến 30 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin (vị trí 275 không được xem xét để tính toán số lượng thay thế). Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:25 khoảng từ 1 đến 20 thay thế axit amin, trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:25 khoảng từ 1 đến 15 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, trình tự GlcK khác với SEQ ID NO:25 khoảng từ 1 đến 10 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, trình tự GlcK khác với SEQ ID NO:25 khoảng 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 hoặc 12 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin.

Theo phương án cụ thể, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 và

34, trong đó axit amin ở vị trí 275 của biến thể này là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit glutamic, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin axit, cụ thể là lysin. Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của glucokinaza của sáng chế tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza của sáng chế) không phải axit glutamic.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của glucokinaza của sáng chế tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza của sáng chế) mà không phải axit amin axit. Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của glucokinaza của sáng chế tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza của sáng chế) được chọn từ nhóm gồm lysin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó. Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:25 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:25 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33 hoặc 34), axit amin của glucokinaza của sáng chế tương ứng với vị trí 275 của SEQ ID NO:25 (hoặc axit amin ở vị trí 275 của glucokinaza của sáng chế) là lysin; do đó, theo phương án cụ thể, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 22, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42 và 43.

Để xác định biến thể GlcK có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, tính tương tự hoặc giống nhau được tính toán trong bản mô tả này so với toàn bộ chiều sau của 2 trình tự sau khi căn chỉnh tối ưu [nghĩa là, số lượng gốc axit amin tương tự hoặc giống nhau trong (các) phần căn chỉnh của trình tự]; vị trí 144 như được xác định trong SEQ ID NO:46 không được xem xét để tính toán tính tương tự hoặc giống nhau. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98 hoặc 99% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, trong đó axit amin của glucokinaza tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144

của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 95% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo một phương án, trình tự biến thể GlcK có ít nhất 97% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46, trong đó axit amin tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza) là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin.

Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 30 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin (vị trí 144 không được xem xét để tính toán số lượng thay thế). Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 20 thay thế axit amin, trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự biến thể GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 15 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi từ 1 đến 10 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, trình tự GlcK khác với SEQ ID NO:46 bởi 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 hoặc 12 thay thế axit amin trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể GlcK là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin.

Theo phương án cụ thể, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 46, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 và 55, trong đó axit amin ở vị trí 144 của biến thể này là axit amin bất kỳ ngoại trừ glyxin, cụ thể là axit amin bất kỳ ngoại trừ axit amin béo, cụ thể là serin. Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của glucokinaza của sáng chế

tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza của sáng chế) không phải glyxin.

Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của glucokinaza của sáng chế tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza của sáng chế) không phải axit amin béo. Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của glucokinaza của sáng chế tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza của sáng chế) được chọn từ nhóm gồm serin và axit amin bất kỳ trong số các axit amin bảo tồn của nó. Theo phương án cụ thể, là SEQ ID NO:46 hoặc trình tự biến thể GlcK bất kỳ có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:46 như được xác định trong bản mô tả này (cụ thể là SEQ ID NO: 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54 hoặc 55), axit amin của glucokinaza của sáng chế tương ứng với vị trí 144 của SEQ ID NO:46 (hoặc axit amin ở vị trí 144 của glucokinaza của sáng chế) là serin; do đó, theo phương án cụ thể, trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO: 45, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63 và 64.

Khi xác định trình tự của glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế, theo nội dung của bản mô tả này rằng hoạt tính glucokinaza trong dẫn xuất DGCC7710 biểu hiện glucokinaza bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này và tùy ý Vmax của glucokinaza trong dẫn xuất DGCC7710 bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này.

Sáng chế còn đề cập đến polynucleotit mã hóa glucokinaza của sáng chế, cụ thể là glucokinaza có 322 axit amin của sáng chế. Theo phương án cụ thể, polynucleotit là từ chủng *Streptococcus thermophilus*. Dựa vào mã di truyền, người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này biết được xem liệu polynucleotit có mã hóa glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* của sáng chế hay không. Theo phương án cụ thể, khi glucokinaza mã hóa có 322 axit amin, polynucleotit của sáng chế có chiều dài 969 nucleotit.

Ví dụ không hạn chế về polynucleotit của sáng chế được bộc lộ trong SEQ ID NO:21. Ví dụ không hạn chế khác về polynucleotit của sáng chế được bộc lộ trong SEQ ID NO:44. Các ví dụ không hạn chế khác về polynucleotit của sáng chế là các trình tự như được xác định trong SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17 và 19, mà trong đó codon 144 hoặc 275 mã hóa axit amin bất kỳ lần lượt ngoại trừ glyxin hoặc axit glutamic, cụ thể mã hóa axit amin bất kỳ lần lượt ngoại trừ axit amin béo hoặc axit amin axit, cụ thể lần lượt mã hóa serin hoặc lysin. Cụ thể, các ví dụ không hạn chế về polynucleotit của sáng chế là các trình tự như được xác định trong SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17 và 19, mà trong đó codon 275 là AAA hoặc AAG. Cụ thể, các ví dụ không hạn chế về polynucleotit của sáng chế là các trình tự như được xác định trong SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17 và 19, mà trong đó codon 144 là AGT, AGC, TCT, TCC, TCA hoặc TCG.

Sáng chế còn đề cập đến việc sử dụng polynucleotit của sáng chế (hoặc cấu trúc, plasmit hoặc vector) để thiết kế tế bào vi khuẩn, cụ thể tế bào vi khuẩn Gram dương, cụ thể tế bào *Streptococcus thermophilus*. Theo phương án cụ thể, polynucleotit của sáng chế (hoặc cấu trúc, plasmit hoặc vector) được sử dụng để thay thế gen *glcK* của chủng *Streptococcus thermophilus*, sao cho chủng *Streptococcus thermophilus* biểu hiện glucokinaza của sáng chế. Theo phương án cụ thể, chỉ có glucokinaza được biểu hiện bởi *Streptococcus thermophilus* thu được là glucokinaza của sáng chế. Theo phương án cụ thể, polynucleotit của sáng chế (hoặc cấu trúc, plasmit hoặc vector) được sử dụng để thay thế gen *glcK* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza. Theo một phương án, polynucleotit của sáng chế (hoặc cấu trúc, plasmit hoặc vector) được sử dụng để thay thế gen *glcK* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza.

Sáng chế còn đề cập đến gen *ccpA* đột biến (hoặc *ccpA* polynucleotit đột biến) như được xác định hoặc như được nhận biết trên đây.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến *Streptococcus thermophilus ccpA* polynucleotit đột biến, mà khi được lồng vào thay cho gen *ccpA* của chủng DGCC7710 [thu được dẫn xuất DGCC7710], dẫn đến dẫn xuất DGCC7710 thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} . Trong bản mô tả này, dẫn xuất

DGCC7710 là chủng DGCC7710 mà trong đó gen *ccpA* ban đầu đã được thay thế bằng gen *ccpA* đột biến được đánh giá.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến *Streptococcus thermophilus ccpA* (đột biến) mà khi được lồng vào thay cho gen *ccpA* của chủng DSM32587 [thu được dẫn xuất DSM32587], dẫn đến dẫn xuất DSM32587:

- thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} ; và

- giải phóng nồng độ glucoza được đánh giá bằng thử nghiệm B, mà ít nhất là 50 mM hoặc giải phóng nồng độ glucoza mà gia tăng ít nhất là 150% hoặc ít nhất là 200% khi so với nồng độ glucoza được giải phóng bởi chủng DSM32587, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Trong bản mô tả này, dẫn xuất DSM32587 là chủng DSM32587 mà trong đó gen *ccpA* ban đầu đã được thay thế bằng gen *ccpA* đột biến được đánh giá.

Theo một phương án, *ccpA* polynucleotit đột biến không ngắt quãng alen (nghĩa là, alen bị phá vỡ) của gen *ccpA*.

Theo một phương án, *ccpA* polynucleotit đột biến là alen của gen *ccpA* đột biến trong trình tự mã hóa. Theo một phương án, trình tự mã của *ccpA* polynucleotit đột biến khác, bởi ít nhất một đột biến, cụ thể một đột biến, với gen *ccpA* như được xác định trong SEQ ID NO:65, 66, 67, 68, 69 hoặc 70.

Theo một phương án, gen *ccpA* mang đột biến được chọn từ nhóm gồm đột biến không có nghĩa được định vị trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 270 của trình tự mã của gen *ccpA* và đột biến, được định vị trong một phần tư đầu tiên của trình tự mã của gen *ccpA* (nghĩa là, nằm trong khoảng từ nucleotit 1 đến nucleotit 250), dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA*. Theo một phương án, đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA* nằm trong khoảng từ nucleotit 50 đến nucleotit 200 của trình tự mã của gen *ccpA*. Theo một phương án, đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA* nằm trong khoảng từ nucleotit 100 đến nucleotit 150 của trình tự mã của gen *ccpA*. Bất kể vị trí của đột biến dẫn đến sự dịch chuyển khung, đột biến được chọn từ nhóm gồm loại bỏ, lồng vào hoặc loại bỏ/lồng vào (mà tất cả không phải bội số của 3). Theo một phương án, đột

biến của gen *ccpA* là loại bớt nucleotit A khi kéo căng 7 nucleotit A ở vị trí 114 đến 120.

Theo một phương án, trình tự của *ccpA* polynucleotit đột biến được chọn từ nhóm gồm a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:71; và b) trình tự biến thể *ccpA* có ít nhất 90% giống với SEQ ID NO:71 (cụ thể là SEQ ID NO: 72 đến 76). Định nghĩa về biến thể *ccpA* có ít nhất 90% giống nhau là như được mô tả trên đây theo phương án II.

Sáng chế còn đề cập đến việc sử dụng *glcK* polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này [mã hóa glucokinaza của *Streptococcus thermophilus* đột biến như được xác định trong bản mô tả này] và/hoặc sử dụng *ccpA* polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này để thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus*. *glcK* polynucleotit và *ccpA* polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này được xem là đột biến theo sáng chế (nghĩa là, alen đột biến như được xác định trong bản mô tả này hoặc như có thể xác định được bằng phương pháp được mô tả trong bản mô tả này). Theo một phương án, *glcK* polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này được sử dụng. Theo một phương án, *ccpA* polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này được sử dụng. Theo một phương án, cả *glcK* polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này và *ccpA* polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này được sử dụng.

Theo một phương án, việc sử dụng gồm có thể [hoặc thay thế] gen *glcK* và/hoặc gen *ccpA* của chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu bằng *glcK* polynucleotit đột biến và/hoặc *ccpA* polynucleotit đột biến như được xác định trong bản mô tả này, để thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus* có (các) gen ban đầu của nó được thay thế bằng (các) gen đột biến như được xác định trong bản mô tả này. Sáng chế còn đề cập đến phương pháp thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus*, bao gồm các bước 1) thế [hoặc thay thế] gen *glcK* và/hoặc gen *ccpA* của chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu bằng *glcK* polynucleotit đột biến và/hoặc *ccpA* polynucleotit đột biến như được xác định trong bản mô tả này, và 2) thu được chủng *Streptococcus thermophilus* có (các) gen ban đầu của nó được thay thế bằng (các) gen (đột biến) như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án về việc sử dụng hoặc phương pháp, chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza. Theo một phương án về sử dụng hoặc phương pháp,

chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của nó nhỏ hơn 4×10^{-6} hoặc nhỏ hơn $3,10^{-6}$. Theo một phương án về sử dụng hoặc phương pháp, chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, mang gen *glcK* đột biến như được xác định trong bản mô tả này hoặc gen *ccpA* đột biến như được xác định trong bản mô tả này, và thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của nó lớn hơn 4×10^{-6} .

Sáng chế còn đề cập đến việc sử dụng gen đột biến mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, cụ thể gen *manL* đột biến, gen *manM* đột biến, gen *manN* đột biến hoặc *manO* đột biến để thiết kế chủng. Theo một phương án, sáng chế đề cập đến việc sử dụng gen đột biến mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, cụ thể là gen *manL* đột biến, gen *manM* đột biến hoặc gen *manN* đột biến để thiết kế chủng. Gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* như được xác định trong bản mô tả này được xem là đột biến theo sáng chế (nghĩa là, alen đột biến như được xác định trong bản mô tả này hoặc như có thể xác định được bằng các phương pháp được mô tả trong bản mô tả này). Theo một phương án, việc sử dụng gồm có việc thế [hoặc thay thế] gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* của chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu lần lượt được đột biến bằng *manL*, *manM* hoặc *manN* polynucleotit đột biến như được xác định trong bản mô tả này, để thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus* có gen ban đầu của nó được thay thế bằng gen (đột biến) như được xác định trong bản mô tả này. Sáng chế còn đề cập đến phương pháp thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus*, bao gồm các bước 1) thế [hoặc thay thế] gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* của chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu lần lượt bằng *manL*, *manM* hoặc *manN* polynucleotit đột biến như được xác định trong bản mô tả này, và 2) thu được chủng *Streptococcus thermophilus* có gen ban đầu của nó được thay thế bằng gen (đột biến) như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án về sử dụng hoặc phương pháp, chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza. Thuật ngữ “lần lượt”, có nghĩa là *manL* ban đầu được

thay thế bằng *manL* đột biến, *manM* ban đầu được thay thế bằng *manM* đột biến và/hoặc *manN* ban đầu được thay thế bằng *manN* đột biến.

Theo một phương án về sử dụng hoặc phương pháp, chủng *Streptococcus thermophilus* ban đầu là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E của nó ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* là chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định theo phương án bất kỳ trong số các phương án từ I đến V trên đây. Các tác giả sáng chế đã thể hiện rằng việc đưa gen đột biến mã hóa protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza, cụ thể gen *manL* đột biến, gen *manM* đột biến hoặc gen *manN* đột biến, vào trong *Streptococcus thermophilus* tỷ lệ [của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E] của nó ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này, dẫn đến sự hiệp đồng xét đến sự giải phóng glucoza.

Theo một phương án, sáng chế đề cập đến việc sử dụng gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* của *Streptococcus thermophilus* đột biến lần lượt mã hóa IIAB^{Man} protein, IIC^{Man} protein hoặc IID^{Man} protein, trong đó hoạt tính du nhập glucoza của protein này bị giảm hoặc được loại bỏ, để thay thế gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* đột biến của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Theo một phương án, gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* của *Streptococcus thermophilus* đột biến được đặc trưng bởi thực thể rằng, khi được lồng một cách riêng rẽ thay cho gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* của chủng DSM32587 [thu được dẫn xuất DSM32587], dẫn xuất DSM32587:

- thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} ; và

- giải phóng nồng độ glucoza được gia tăng ít nhất là 150% hoặc ít nhất là 200% khi so với nồng độ glucoza được giải phóng bởi chủng DSM32587, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Trong bản mô tả này, dẫn xuất DSM32587 là chủng DSM32587 mà trong đó gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* ban đầu được thay thế bằng gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* đột biến sẽ được đánh giá.

Theo một phương án, gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* của *Streptococcus thermophilus* đột biến được đặc trưng bởi thực thể rằng, khi được lỏng một cách riêng rẽ thay cho gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* của chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} (nghĩa là, chủng DGCC7710 mà trong đó gen *ccpA* của nó trước đây đã được thay thế bằng gen *ccpA* như được xác định trong SEQ ID NO:71) [thu được dẫn xuất DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}], dẫn xuất DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}:

- thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} ; và

- giải phóng nồng độ glucoza được gia tăng ít nhất là 150% hoặc ít nhất là 200% khi so với nồng độ glucoza được giải phóng bởi chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120}, khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm B.

Trong bản mô tả này, chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} là chủng DGCC7710 mà trong đó gen *ccpA* của nó trước đây đã được thay thế bằng gen *ccpA* như được xác định trong SEQ ID NO:71. Trong bản mô tả này, dẫn xuất DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} là dẫn xuất DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} mà trong đó gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* ban đầu được thay thế bằng gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* đột biến sẽ được đánh giá, nghĩa là, chủng DGCC7710 mà trong đó gen *ccpA* ban đầu được thay thế bằng gen *ccpA* như được xác định trong SEQ ID NO:71, và gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* ban đầu được thay thế bằng gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN* đột biến cần được đánh giá.

Thuật ngữ “được lỏng vào một cách riêng rẽ”, có nghĩa là, đối với sự đặc trưng của gen *man* đột biến, chỉ có một gen *man* của chủng DSM32587 hoặc của chủng DGCC7710-*ccpA*_{Δ1A114-120} được thay thế (hoặc được thế) bằng gen *man* đột biến tương ứng cần được đặc trưng.

Theo một phương án, gen đột biến mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucosa là gen *manL* đột biến. Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus manL* đột biến mã hóa đối với *Streptococcus thermophilus* IIB^{Man} protein, hoạt tính du nhập glucoza của nó giảm hoặc được loại trừ, cụ thể là *Streptococcus thermophilus* IIB^{Man} protein được cắt cụt ở vị trí 305 (IIB^{Man}₃₀₅). Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus manL* đột biến mã hóa đối với *Streptococcus thermophilus* IIB^{Man} protein cắt cụt, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:156 và b) trình tự biến thể IIB có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156, cụ thể có chiều dài 305 axit amin. Theo một phương án, gen *manL* đột biến mã hóa IIB^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO:156 đến 172. Theo một phương án, gen *Streptococcus thermophilus manL* đột biến là như được xác định trong SEQ ID NO:155.

Theo một phương án, gen đột biến mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucosa là gen *manM* đột biến. Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus manM* đột biến mã hóa đối với *Streptococcus thermophilus* IIC^{Man} protein, hoạt tính du nhập glucoza của nó giảm hoặc được loại trừ, cụ thể *Streptococcus thermophilus* IIC^{Man} protein được cắt cụt ở vị trí 208 (IIC^{Man}₂₀₈). Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus manM* mã hóa đối với *Streptococcus thermophilus* IIC^{Man} protein cắt cụt, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:202 và b) trình tự biến thể IIC^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:202, cụ thể có chiều dài 208 axit amin. Theo một phương án, gen *manM* đột biến mã hóa IIC^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO:202 đến 209. Theo một phương án, gen *Streptococcus thermophilus manM* đột biến là như được xác định trong SEQ ID NO:201.

Theo một phương án, gen đột biến mã hoá protein của PTS đặc hiệu mannoza-glucosa là gen *manN* đột biến. Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus manN* đột biến mã hóa đối với *Streptococcus thermophilus* IID^{Man} protein, hoạt tính du nhập glucoza của nó giảm hoặc được loại trừ, cụ thể là *Streptococcus thermophilus* IID^{Man} protein được cắt cụt ở vị trí 28 (IID^{Man}₂₈). Theo một phương án, *Streptococcus thermophilus manN* đột biến mã hóa đối với *Streptococcus thermophilus* IID^{Man} protein cắt cụt, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:251; và b) trình tự biến thể IID^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với

SEQ ID NO:251, cụ thể có chiều dài 28 axit amin. Theo một phương án, gen *manN* đột biến mã hóa IID^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO:251 đến 255. Theo một phương án, gen *Streptococcus thermophilus manN* đột biến là như được xác định trong SEQ ID NO:250.

Cụm từ “*biến thể IIAB^{Man}, biến thể IIC^{Man} và biến thể IID^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống nhau*” là như được xác định trong phần VI trên đây.

Theo một phương án, polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này được tạo ra dưới dạng phân lập. Polynucleotit “được phân lập” hầu như hoặc về cơ bản không chứa các thành phần mà thường đi kèm hoặc tương tác với gen như được tìm thấy trong môi trường xuất hiện tự nhiên của nó. Do đó, polynucleotit được phân lập hầu như không chứa vật liệu tế bào khác hoặc môi trường nuôi cấy khi được tạo ra bằng kỹ thuật tái tổ hợp hoặc hầu như không chứa các tiền chất hóa học hoặc các hóa chất khác khi được tổng hợp về mặt hóa học.

Sáng chế còn đề cập đến cấu trúc bao gồm polynucleotit như được xác định trong bản mô tả này. Theo một phương án, sáng chế bao gồm cấu trúc gồm có polynucleotit của sáng chế được liên kết theo chức năng với trình tự điều hòa. Thuật ngữ “được liên kết theo chức năng” dùng để chỉ vị trí cạnh nhau trong đó các thành phần được mô tả theo mối quan hệ cho phép chúng thực hiện chức năng theo cách định trước của chúng. Trình tự điều hòa “được liên kết theo chức năng” với trình tự mã hóa được căn chỉnh theo cách mà sự biểu hiện của trình tự mã hóa đạt được trong điều kiện phù hợp với các trình tự đối chứng. Thuật ngữ “trình tự điều hòa” bao gồm các đoạn khởi đầu và/hoặc đoạn tăng cường và các tín hiệu điều hòa biểu hiện khác. Thuật ngữ “đoạn khởi đầu” được sử dụng theo nghĩa thông thường trong lĩnh vực này, ví dụ vị trí gắn kết ARN polymeraza. Theo một phương án, độc lập hoặc kết hợp với phương án về “trình tự điều hòa”, cấu trúc chứa hoặc biểu hiện gen khác, như gen đánh dấu cho phép sự chọn cấu trúc. Các gen đánh dấu khác nhau tồn tại mà có thể được sử dụng, ví dụ các gen đánh dấu mà tạo ra mức kháng chất kháng sinh - ví dụ kháng các chất kháng sinh vi khuẩn - như Erythromycin, Ampicillin, Streptomycin và Tetracycline.

Do đó, theo khía cạnh khác, sáng chế đề xuất vectơ bao gồm polynucleotit hoặc cấu trúc như được xác định trong bản mô tả này. Như được sử dụng trong bản mô tả này, thuật ngữ “vectơ” dùng để chỉ phân tử axit nucleic bất kỳ mà trong đó axit nucleic khác (ví dụ, polynucleotit của sáng chế) có thể được lồng vào và mà có thể được lồng

vào và sao chép trong chủng vi khuẩn như chủng *Streptococcus thermophilus*. Do đó, thuật ngữ này dùng để chỉ cấu trúc axit nucleic bất kỳ (và, nếu cần, hệ phân phối kết hợp bất kỳ) có thể sử dụng để đưa vật liệu di truyền vào trong chủng vi khuẩn, cụ thể là chủng *Streptococcus thermophilus*. Người có hiểu biết trung bình trong lĩnh vực này cần phải biết được sự lựa chọn vector thích hợp. Theo một phương án, vector là plasmit. Như được sử dụng trong bản mô tả này, thuật ngữ "plasmit" dùng để chỉ cấu trúc ADN sợi kép dạng vòng (ds) mà có thể được sử dụng dưới dạng vector để đưa ADN vào trong chủng vi khuẩn, cụ thể là chủng *Streptococcus thermophilus*. Các cấu trúc hoặc vector có thể được đưa vào trong chủng vi khuẩn như được mô tả trong bản mô tả này, như chủng DGCC7710.

Polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế được bộc lộ trong bản mô tả này có thể được đưa vào trong chủng *Streptococcus thermophilus*, sử dụng phương pháp đã biết bất kỳ.

"Việc đưa vào" (và "được đưa vào") được dự định có nghĩa là thể hiện chủng *Streptococcus thermophilus*, polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế như được xác định trong bản mô tả này, theo cách mà (các) thành phần đạt được sự tiếp cận vào bên trong của chủng *Streptococcus thermophilus*. Các phương pháp và chế phẩm không phụ thuộc vào phương pháp cụ thể để đưa trình tự vào trong chủng *Streptococcus thermophilus*, chỉ có polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế tiếp cận được vào bên trong của chủng *Streptococcus thermophilus*. Việc đưa vào bao gồm việc hợp nhất polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế vào trong chủng *Streptococcus thermophilus* trong đó polynucleotit hoặc cấu trúc của sáng chế có thể được hợp nhất vào trong hệ gen của chủng *Streptococcus thermophilus* và bao gồm việc đưa (trực tiếp) tạm thời của polynucleotit hoặc cấu trúc vào chủng *Streptococcus thermophilus*.

Việc đưa polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế vào trong chủng *Streptococcus thermophilus* có thể được thực hiện bằng vài phương pháp, bao gồm phương pháp biến nạp, tiếp hợp, truyền hoặc dung hợp thể nguyên sinh. Các phương pháp đưa polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế bằng cách biến nạp vào trong chủng *Streptococcus thermophilus*, bao gồm, nhưng không chỉ giới hạn ở, phương pháp vi tiêm, phương pháp điện di, phương pháp biến nạp ổn định, phương pháp biến nạp tạm thời [như khả năng cảm ứng bằng cách sử dụng hóa chất (ví

dự các cation hóa trị hai như CaCl_2) hoặc cơ học (điện di)], phương pháp gia tốc hạt kiểu đạn đạo (bắn hạt), chuyển gen trực tiếp, đưa vào qua trung gian virus, peptit thẩm thấu tế bào hoặc phân phối protein trực tiếp qua trung gian hạt nano silic trung tính (MSN). Việc đưa polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế vào trong chủng *Streptococcus thermophilus* có thể được thực hiện bằng phương pháp tiếp hợp, mà là phương pháp đặc hiệu trao đổi ADN tự nhiên cần phải có sự tiếp xúc tế bào-tế bào vật lý. Việc đưa polynucleotit, cấu trúc, vector hoặc plasmit của sáng chế vào trong chủng *Streptococcus thermophilus* có thể được thực hiện bằng quá trình truyền, mà việc đưa ADN qua lây nhiễm virus (ví dụ thể thực khuẩn) mà cũng là phương pháp trao đổi ADN tự nhiên. Nói chung, các phương pháp như vậy bao gồm việc hợp nhất polynucleotit trong phân tử ADN hoặc ARN virus.

Sáng chế còn đề cập đến các gen *man* đột biến như vậy và các protein mã hóa tương ứng của chúng:

- *Streptococcus thermophilus manL* đột biến mã hóa đối với IIAB^{Man} protein cắt cụt của *Streptococcus thermophilus*, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:156 và b) trình tự biến thể IIAB có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:156, cụ thể có chiều dài 305 axit amin. Theo một phương án, gen *Streptococcus thermophilus manL* đột biến mã hóa IIAB^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO:156 đến 172. Theo một phương án, gen *Streptococcus thermophilus manL* đột biến là như được xác định trong SEQ ID NO:155.

- *Streptococcus thermophilus manN* đột biến mã hóa đối với IID^{Man} protein cắt cụt của *Streptococcus thermophilus*, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm a) trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:251; và b) trình tự biến thể IID^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống với SEQ ID NO:251, cụ thể có chiều dài 28 axit amin. Theo một phương án, gen *Streptococcus thermophilus manN* đột biến mã hóa IID^{Man} protein, trình tự của nó được chọn từ nhóm gồm SEQ ID NO:251 đến 255. Theo một phương án, gen *Streptococcus thermophilus manN* đột biến là như được xác định trong SEQ ID NO:250.

Cụm từ “*biến thể IIAB^{Man} và biến thể IID^{Man} có ít nhất 90% tương tự hoặc giống nhau*” được xác định trong phần VI trên đây.

Sáng chế còn đề cập đến phương pháp thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza tiết glucoza, bao gồm các bước:

a) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, mà tiết nồng độ glucoza nhỏ hơn 1 mM khi được đánh giá bằng thử nghiệm B;

b) tạo đột biến một hoặc nhiều gen được chọn từ nhóm gồm gen *glcK*, gen *ccpA*, gen *lacZ* và gen *ptsH* và tùy ý tạo đột biến gen mã hóa protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza; và

c) lựa chọn từ các thể đột biến thu được ở bước b) chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, trong đó tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Theo một phương án, chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza thu được ở bước a) thể hiện tỷ lệ của hoạt tính của beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E nhỏ hơn 4×10^{-6} hoặc nhỏ hơn 3×10^{-6} như được xác định trong bản mô tả này.

Sáng chế còn đề cập đến phương pháp thiết kế chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza tiết glucoza, bao gồm các bước:

a) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza trong chủng này như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} như được xác định và giải phóng nồng độ glucoza nằm trong khoảng từ 8 đến 50 mM khi được đánh giá bằng thử nghiệm B;

b) tạo đột biến gen, mã hóa protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza, cụ thể là gen *manL*, gen *manM* hoặc gen *manN*, của chủng thu được ở bước a);

c) lựa chọn từ các thể đột biến thu được ở bước b), chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, trong đó thể đột biến thu được ở bước b) giải phóng nồng độ glucoza ít nhất là 60mM, khi được đánh giá bằng

thử nghiệm B. Theo một phương án, thể đột biến thu được ở bước b) giải phóng nồng độ glucoza ít nhất là 70mM. Theo một phương án, thể đột biến thu được ở bước b) giải phóng nồng độ glucoza ít nhất là 80mM. Theo một phương án, thể đột biến thu được ở bước b) giải phóng nồng độ glucoza ít nhất là 90mM. Theo một phương án, thể đột biến thu được ở bước b) giải phóng nồng độ glucoza ít nhất là 100mM.

Sáng chế còn đề cập đến phương pháp lựa chọn chủng *S. thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza của sáng chế, bao gồm các bước:

1) cung cấp chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza biểu hiện glucokinaza ban đầu, mà hoạt tính của nó lớn hơn 1800 U/g tổng dịch chiết protein như được đánh giá bằng thử nghiệm A, cụ thể là lớn hơn 2000 U/g tổng dịch chiết protein như được đánh giá bằng thử nghiệm A;

2) cải biến khung đọc mở của gen *glcK* của chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza ở bước 1), sao cho chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến biểu hiện glucokinaza mà trình tự của nó được cải biến như được xác định trong bản mô tả này, khi so với trình tự của glucokinaza ban đầu;

3) đánh giá, bằng thử nghiệm A, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến thu được ở bước 2);

4) lựa chọn chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến, biểu hiện hoạt tính glucokinaza của nó trong chủng cải biến giảm nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này bằng thử nghiệm A;

5) tùy ý, đánh giá, bằng thử nghiệm C, V_{max} của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến được lựa chọn ở bước 4) và lựa chọn chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến, biểu hiện glucokinaza mà V_{max} của nó trong chủng cải biến giảm nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này bằng thử nghiệm C.

Theo một phương án về bước 2), sự cải biến khung đọc mở của gen *glcK* được thực hiện bằng cách phát sinh đột biến trực tiếp gen *glcK* của *Streptococcus thermophilus* ở bước 1). Theo một phương án về bước 2), sự cải biến khung đọc mở của gen *glcK* được thực hiện bằng cách thay thế khung đọc mở ban đầu của gen *glcK* của chủng ở bước 1) bằng khung đọc mở khác loại của gen *glcK* (trong đó “khác loại” có nghĩa là khung đọc mở của gen *glcK* mà ban đầu không thể hiện trong chủng ở bước 1),

ví dụ khung đọc mở của gen *glcK* mà được thiết kế về mặt tổng hợp hoặc khung đọc mở của gen *glcK* thu được từ chủng *Streptococcus thermophilus* khác).

Theo một phương án ở bước 4), dấu hiệu “*hoạt tính glucokinaza trong chủng đã cải biến bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” được xác định trên đây để nhận biết chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính với lactoza, âm tính với galactoza của sáng chế. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến, như được đánh giá bằng thử nghiệm A, nằm trong khoảng từ 200 đến 1500, nằm trong khoảng từ 300 đến 1200, nằm trong khoảng từ 400 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein hoặc nằm trong khoảng từ trị số tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 200, 300 và 400 U/g tổng dịch chiết protein đến trị số tối đa được chọn từ nhóm gồm 1000, 1200 và 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Theo phương án cụ thể, hoạt tính glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến nằm trong khoảng từ 5 đến 60%, nằm trong khoảng từ 10 đến 50%, nằm trong khoảng từ 15 đến 40% hoạt tính của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 (cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm A) hoặc nằm trong khoảng từ tỷ lệ phần trăm tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 5, 10 và 15 % hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 đến tỷ lệ phần trăm tối đa được chọn từ nhóm gồm 40, 50 và 60 % hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 (cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm A). Cụm từ “*hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710*” là như được xác định trên đây.

Theo phương án cụ thể ở bước 5), dấu hiệu “*Vmax của glucokinaza trong chủng cải biến bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu*” được xác định trên đây để nhận biết chủng *Streptococcus thermophilus* âm tính về galactoza của sáng chế. Theo phương án cụ thể, vận tốc tiến về phía trước tối đa của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến nằm trong khoảng từ 200 đến 1500, nằm trong khoảng từ 300 đến 1200, nằm trong khoảng từ 400 đến 1000 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C, hoặc nằm trong khoảng từ trị số tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 200, 300 và 400 U/g tổng dịch chiết protein đến trị số tối đa được chọn từ nhóm gồm 1000, 1200 và 1500 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm C. Theo phương án cụ thể, Vmax của glucokinaza trong chủng *Streptococcus thermophilus* cải biến nằm trong khoảng từ 5 đến 60%, nằm trong khoảng từ 10 đến 50%, nằm trong khoảng từ 15 đến 40%, Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710,

khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C, hoặc nằm trong khoảng từ tỷ lệ phần trăm tối thiểu được chọn từ nhóm gồm 5, 10 và 15% V_{max} của hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 và tỷ lệ phần trăm tối đa được chọn từ nhóm gồm 40, 50 và 60% V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710. Cụm từ “ V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710” là như được xác định trên đây.

Các dấu hiệu kỹ thuật và các phương án được ưu tiên khác nhau của sáng chế sẽ được mô tả bằng các ví dụ không hạn chế.

Ví dụ thực hiện sáng chế

Vật liệu và phương pháp

Các chủng và các điều kiện sinh trưởng

Chủng *S. thermophilus* (ST) được bộc lộ trong bản mô tả này được sinh trưởng ở 37°C trong nước xuyết M17 (Oxoid, số tham chiếu của nhà cung cấp CM0817) được bổ sung 30 g/L carbohydrat thích hợp và nếu cần, thêm 15 g/L aga vi khuẩn Typ A (Biokar, số tham chiếu của nhà cung cấp #A1010HA), hoặc ở 43°C trong sữa (sữa bán kem UHT “Le Petit Vendéen” + 3% bột sữa BBA Lactalis). Nước xuyết M17 thanh trùng được bổ sung 0,2 µm lactoza, sucroza, galactoza hoặc glucoza đã lọc. Dung dịch gốc đông lạnh chứa chủng ST thu được bằng cách pha loãng một nửa môi trường nuôi cấy qua đêm trong M17 được bổ sung 5g/L lactoza và 10% glyxerol, và lưu trữ ở -20 °C.

Định lượng quá trình chuyển hoá carbohydrat trong quá trình lên men sữa [thử nghiệm B]

Sữa bán kem UHT “Le Petit Vendéen (“sữa chua”) chứa 3% (trọng lượng/thể tích) bột sữa (BBA, Lactalis), được vô trùng trước 10 phút ở 90°C, được tiêm truyền ở 1% (thể tích/thể tích, khoảng 10^7 CFU/ml) với môi trường nuôi cấy chủng *S. thermophilus* để được đánh giá (tế bào được tạo huyền phù lại không chứa M17-carbohydrat từ môi trường nuôi cấy qua đêm được sinh trưởng trong M17 được bổ sung 3% sucroza). Sữa này được cho là chứa khoảng 175 mM lactoza. Bình thốt cổ chứa sữa đã tiêm truyền được ủ tĩnh trong bể nước ở 43°C trong 24 giờ, để thu được sữa lên men.

Các mẫu T0 và các mẫu sữa lên men (T24h) (5 g) được pha loãng trong 25g H₂SO₄ 0,025N trước khi được ly tâm ở 4600 vòng/phút trong 10 phút ở 4°C. Lọc dịch nổi qua bộ lọc 0,2 µm Nylon (Phenomenex, Germany, Aschaffenburg) trực tiếp vào trong lọ 2 ml HPLC. Lưu trữ các mẫu ở -20°C cho đến khi phân tích tiếp. Định lượng carbohydrat bằng sắc ký lỏng hiệu năng cao (Agilent 1200 HPLC) được trang bị bộ dò chỉ số khúc xạ sử dụng cột trao đổi anion Aminex HPX-87H (Bio-Rad Laboratories Inc.) ở 35°C, với 12,5 mM H₂SO₄ làm dung dịch rửa giải và tốc độ dòng 0,6 ml min⁻¹. Việc đánh giá kết quả được thực hiện bằng phần mềm tái xử lý Chemstation (Agilent).

Sắp xếp trình tự *glcK*

Sự khuếch đại PCR của gen glucokinaza được thực hiện bằng cách sử dụng các đoạn mồi GlcK-F4 (5'-CAGGTATGAGTTTAGCAACGG-3') và GlcK-R12 (5'-ATTCACCACGGCCTGAGAC-3'), [bao gồm bước ở 98°C, 5 phút, tiếp theo 33 vòng ở 98°C, 45 giây; 58°C, 30 giây; 68°C, 3 phút với bước mở rộng cuối cùng ở 72°C, 7 phút]. Sau đó, các sản phẩm PCR của 2788 bp được xử lý bằng Illustra™ ExoProStar™ theo hướng dẫn của nhà sản xuất (GE Healthcare). Các phản ứng sắp xếp trình tự được thực hiện bằng cách sử dụng BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing kit (Life Technologies) theo hướng dẫn của nhà sản xuất sử dụng AB3500 (Applied Biosystems™), và đoạn mồi được liệt kê trong bảng 2.

Đoạn mồi	Trình tự
GlcK-F4	CAGGTATGAGTTTAGCAACGG
GlcK-R8	AGTTCAATCTTCATCATCTCG
GlcK-F5	GTAGCCACATTGTTTCCTGAC
GlcK-R6	TTGCTGAAGCTACAGTTTCC
GlcK-R4	TAAGCAAGACTAGCAGCTCC
GlcK-F7	TTGCGTAGTCGTGTTGAAGG
GlcK-R10	ATTGTCCCTTCATAAGCATCG
GlcK-F11	CGAACTGGGTGCAGATGATG
GlcK-R12	ATTCACCACGGCCTGAGAC

Bảng 2: Liệt kê các đoạn mồi để sắp xếp trình tự *glcK*.

Hoạt tính glucokinaza [thử nghiệm A]

Môi trường tươi nuôi cấy qua đêm của chủng *Streptococcus thermophilus* trong M17 chứa lactoza 30 g/L thu được và được sử dụng để tiêm truyền ở 1% (thể tích/thể

tích) 10ml M17 lactoza tươi 30 g/L. Thu hoạch tế bào bằng cách ly tâm (6000 g, 10 phút, 4°C) ở mật độ quang 600 nm (OD600) 0,8 +/- 0,2, rửa trong 5ml dung dịch đệm GLCK lạnh (5 mM MgCl₂, 10 mM K₂HPO₄ / KH₂PO₄ [pH= 7,2]), và tạo huyền phù lại trong 500 µl dung dịch đệm GLCK lạnh. Thêm các chất ức chế proteaza không chứa EDTA “cOmpleteTM” (Roche, số tham chiếu của nhà cung cấp 04693132001) vào dung dịch đệm GLCK như được mô tả bởi nhà cung cấp. Ngắt quãng tế bào bằng cách thêm 100 mg hạt thủy tinh (150-212 µm, Sigma G1145) vào 200 µl tế bào đã tạo huyền phù lại và dao động ở tần số 30 vòng/giây trong 6 phút trong máy dao động MM200 (Retsch, Haan, Germany). Loại bỏ mảnh vỡ tế bào và viên thủy tinh bằng cách ly tâm (14000g, 15 phút, 4°C), và chuyển dịch nổi vào ống ly tâm sạch 1,5 mL giữ trên nước đá. Tổng hàm lượng protein được xác định bằng cách sử dụng FLUKA Protein Quantification Kit-Rapid (số tham chiếu 51254). Hoạt tính glucokinaza trong phần chiết tế bào được xác định theo quang phổ kế bằng thử nghiệm cặp dodoi glucoza-6-phosphat dehydrogenaza (G-6PDH, EC1.1.1.49):NADPH (Porter *et al.*, 1982), chủ yếu được mô tả bởi Pool *et al.* (2006). Mỗi mẫu (5, 10 và 20 µL) được thêm vào dung dịch đệm thử nghiệm (10 mM K₂HPO₄ / KH₂PO₄ [pH= 7,2], 5 mM MgCl₂, 1 mM ATP, 20 mM glucoza, 1 mM NADP, 1 U G-6PDH) trong thể tích cuối cùng 250 µL và để im hỗn hợp trong 5 phút ở 30°C. Đo mật độ quang ở 340 nm trong 5 phút bằng cách sử dụng bộ đọc vi đĩa đa phát hiện Synergy HT (BIO-TEK). Một đơn vị glucokinaza tương ứng với lượng enzym mà xúc tác quá trình phosphoryl hoá 1 µmol D-glucoza thành D-Glucoza 6-phosphat mỗi phút trong các điều kiện thử nghiệm. Hoạt tính glucokinaza được tính toán như sau:

Hoạt tính glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein) = $dOD \times V / [dt \times l \times \epsilon \times Q_{prot}]$, trong đó:

- dOD là sự biến thiên của mật độ quang (OD) ở 340 nm

- V là thể tích của phản ứng (ở đây là 250 µL)

dt = thời gian đo (tính theo phút)

l = độ dài đường quang (ở đây là 0,73 cm)

ϵ = hệ số giảm mol của NADPH ; H⁺ (ở đây là 6220 cm² / µmol)

Q_{prot} = lượng protein trong chậu thủy tinh (tính theo g)

Các phép đo được thực hiện ba lần đối với mỗi mẫu và các trị số hoạt tính riêng glucokinaza được đưa ra trong bản mô tả này trong thử nghiệm A là trị số trung bình

của ba thử nghiệm độc lập.

Vận tốc tiến về phía trước tối đa của GlcK [thử nghiệm C]

Vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của GlcK được xác định bằng cách sử dụng các nồng độ khác nhau của glucoza (0, 5, 10, 15, 20 mM) trên dịch chiết thô được tạo ra như được mô tả trong “hoạt tính glucokinaza” (thử nghiệm A). Các phép đo được thực hiện ba lần đối với mỗi mẫu và các trị số V_{max} được đưa ra trong bản mô tả này trong thử nghiệm C là trị số trung bình của ba thử nghiệm độc lập. Phép hồi quy tuyến tính thể hiện sự nghịch đảo của vận tốc riêng trong hàm nghịch đảo của nồng độ glucoza tạo ra phép nghịch đảo của vận tốc tiến về phía trước tối đa ở giao điểm trục Y của đồ thị.

Thực hiện axit hoá sữa

Các đặc tính axit hoá của chủng *S. thermophilus* được đánh giá bằng cách ghi chép độ pH theo thời gian, trong quá trình lên men sữa như được mô tả trong thử nghiệm B. Độ pH được kiểm tra trong 24 giờ bằng cách sử dụng hệ CINAC (Alliance Instruments, France; pH điện cực Mettler 405 DPAS SC, Toledo, Spain) như được mô tả trên đây. Đo độ pH và ghi chép mỗi 5 phút. Sử dụng phần mềm CINAC v2.07, tính toán mức giảm từ độ pH=6,0 đến pH=5,5 (UpH/minute) [Slope pH6-5.5].

Truyền alen của *glcK* của chủng ST0 vào trong hệ gen của 3 chủng *S. thermophilus* khác

Sản phẩm 1889 bp PCR mang gen *glcK* của chủng ST0 thu được bằng cách sử dụng đoạn mồi GlcK-F1 (5'-GAAGCAGTTTGGGGTAGTAG-3') và GlcK-R2 (5'-GAGTTATCTACAGGAGCTGG -3'). Tiếp theo, sản phẩm PCR được tinh chế bằng cách sử dụng QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen), và rửa giải trong nước không chứa RNaza. Nồng độ của sản phẩm PCR được xác định bằng cách sử dụng quang phổ kế NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, Wilmington, MA). Kích cỡ và độ tinh khiết của sản phẩm PCR được xác nhận bằng hệ điện di mao dẫn trên gel QIAxcel® (Qiagen, Hilden, Germany). Các chủng DGCC7710, ST1.1 và ST1.2 được biến nạp với sản phẩm 1889 bp PCR và các thể đột biến có gen *glcK* của chúng được thay thế bằng alen

glcK của chủng ST0 được lựa chọn (sự có mặt của alen *glcK* của chủng ST0 được kiểm tra bằng cách sắp xếp trình tự).

Kết quả

Trong công bố quốc tế số WO2013/160413 và tài liệu: Sørensen et al. (2016), sự lựa chọn đột biến *glcK* được thực hiện thông qua sự lựa chọn các thể đột biến bền 2-deoxyglucoza (2-DOG) từ quá trình thu gom chủng lên men galactoza (ví dụ 2 của công bố quốc tế này). Ba đột biến được mô tả, CHCC15757 (cũng đã biết là St1-GS-1), CHCC15887 và St2-GS-1, thể hiện sự thay đổi axit amin trong glucokinaza của chúng, lần lượt là T141I, S72P và G249R. Tuy nhiên, các thể đột biến thu được đã thể hiện là bị tác động trong động học axit của chúng (xem ví dụ 4 dưới đây đối với sự thay đổi S72P).

Hoạt tính glucokinaza của các chủng biểu hiện glucokinaza có sự thay đổi T141I, S72P hoặc G249R được thông báo là không thể phát hiện được (xem ví dụ 4 dưới đây đối với sự thay đổi S72P). Điều này có thể giải thích các động học axit trễ được thông báo trong WO2013/160413 và Sørensen *et al.* (2016). Đã được giả thuyết rằng phương pháp được sử dụng để lựa chọn có thể giải thích sự nghẽn đột biến chỉ biểu hiện glucokinaza có hoạt tính glucokinaza vô hiệu (nghĩa là, không phát hiện được). Thực vậy, trong chủng lên men galactoza mang glucokinaza kiểu dại, 2-DOG sẽ được phosphoryl hoá bằng glucokinaza (GlcK), mà sau đó không thể được sử dụng làm cơ chất bởi phosphoglucomutaza (PGM). Kết quả là, 2-DOG sẽ độc trong chủng lên men galactoza, là kết quả không chỉ của sự cạnh tranh giữa 2-DOG và glucoza đối với vị trí gắn kết của GlcK, mà còn cả mức tiêu thụ ATP (bởi glucokinaza) mà không thể được tạo ra bởi con đường thủy phân. Do đó, để tồn tại, sự lựa chọn tốt nhất đối với chủng lên men galactoza là tắt hoạt tính của glucokinaza. Do đó, phương pháp lựa chọn được mô tả trong WO2013/160413 và Sørensen *et al.* (2016) được cho là chiếm ưu thế để tạo ra chủng lên men galactoza, mà gen *glcK* của nó không biểu hiện glucokinaza chức năng.

Ví dụ 1: Sàng lọc sự lựa chọn *Streptococcus thermophilus* đối với chủng tiết glucoza

Các tác giả sáng chế với mong muốn lựa chọn chủng tiết glucoza, đã sử dụng phương pháp khác. Sự lựa chọn *Streptococcus thermophilus* được sàng lọc bằng thử

nghiệm B đối với các chủng có khả năng tiết glucoza trong sữa lên men. Lượng gồm 10 mM glucoza được sử dụng làm ngưỡng tối thiểu để lựa chọn. Một chủng, ST0, giải phóng 30 mM glucoza trong sữa lên men bằng cách sử dụng thử nghiệm B, được lựa chọn.

Ví dụ 2. Nhận biết đột biến trong gen *glcK*

Việc sắp xếp trình tự của vài gen - của chủng ST0 – đã biết có liên quan đến sự chuyển hoá carbohydrat trong *S. thermophilus* được thực hiện và được căn chỉnh với trình tự gen tương ứng của *Streptococcus thermophilus* khác.

Sự khác nhau về axit amin không liên tiếp, E275K, được nhận biết trong trình tự GlcK của chủng ST0, mà không được tìm thấy trong trình tự bất kỳ trong số các trình tự GlcK của các chủng *S. thermophilus* khác; Sự khác nhau về axit amin này là kết quả của A ở vị trí 823 của gen *glcK* thay vì G. Sự so sánh hơn nữa của glucokinaza được mã hoá bởi gen *glcK* của chủng *S. thermophilus* khác đã xác nhận rằng lysin ở vị trí 275 (thay vì axit glutamic) là duy nhất đối với ST0 và không được tìm thấy trong chủng bất kỳ trong số 107 chủng khác.

Sự khác nhau về axit amin được nhận biết trong glucokinaza suy diễn từ 108 chủng này được thể hiện trong bảng 3. Do đó, 10 typ glucokinaza khác nhau sẽ được phân biệt (GlcK typ 1 đến GlcK typ 10, như được nêu lần lượt trong SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18 và 20). Đối với các thử nghiệm tiếp theo, 10 chủng, ST1 đến ST10, mà mỗi chủng biểu hiện glucokinaza duy nhất được lựa chọn. SEQ ID NO:2 được dùng làm trình tự tham chiếu, vì GlcK typ này được tìm thấy trong khoảng 70% trong số 108 chủng phân tích. Cụ thể là, chủng DGCC7710, được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014, mã hoá glucokinaza như được xác định trong SEQ ID NO:2

Cần phải biết rằng chỉ có sự khác nhau về axit amin giữa trình tự của glucokinaza được mã hoá bởi chủng ST0 và SEQ ID NO:2 là sự khác nhau về axit amin ở vị trí 275.

Vị trí aa	21	33	38	49	64	100	131	133	137	141	144	149	152
ST1	T	E	E	E	D	V	N	N	I	T	G	A	N
ST2	-	-	-	-	-	-	-	-	V	-	-	-	-
ST3	N	G		-	-	-	-	-	V	-	-	V	K
ST4	-	-	-	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-
ST5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

ST6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ST7	-	-	-	D	-	-	-	-	V	-	-	-	-
ST8	N	G	-	-	-	-	-	-	V	-	-	V	K
ST9	-	-	D	-	-	-	S	D	V	-	-	-	-
ST10	-	-	D	-	-	I	-	D	V	-	-	-	-
ST0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ST20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	S	-	-

Vị trí aa	182	188	197	198	209	220	227	252	265	275	Khác aa	% đồng nhất
ST1	K	V	V	A	S	F	I	T	V	E	/	/
ST2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	99,7
ST3	-	-	I	-	-	-	L	-	-	-	7	97,8
ST4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	99,7
ST5	-	A	-	-	-	-	-	-	-	-	1	99,7
ST6	N	-	-	T	-	-	-	-	-	-	2	99,4
ST7	-	-	-	-	-	L	L	I	-	-	5	98,4
ST8	-	-	I	-	-	-	-	-	-	-	6	98,1
ST9	-	-	-	-	-	L	L	I	-	-	7	97,8
ST10	-	-	-	-	-	L	L	I	I	-	8	97,5
ST0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	K	1	99,7
ST20	-	-	-	-	-	-	-	-	-		1	99,7

Bảng 3: Sự khác nhau của GlcK protein được nhận biết bằng phép so sánh trình tự GlcK protein được mã hoá bởi 108 *S. thermophilus*, và trình tự GlcK protein được mã hoá bởi ST0 và ST20. Các vị trí axit amin được liệt kê cho biết tất cả sự khác nhau về axit amin giữa các GlcK protein. Trình tự GlcK protein từ ST1 (SEQ ID NO:2) được chọn làm trình tự tham chiếu. Các vị trí axit amin không được liệt kê trong bảng này là giống nhau đối với tất cả glucokinaza từ nghiên cứu này. Cột “aa diff” thể hiện số lượng khác nhau về axit amin khi so với SEQ ID NO:2. Cột “% id” thể hiện tỷ lệ phần trăm giống với SEQ ID NO:2

Ví dụ 3. Đo hoạt tính glucokinaza của chủng ST0 và so với các chủng khác (ST1 đến ST10)

Hoạt tính glucokinaza của chủng ST0 so với hoạt tính glucokinaza của các chủng ST1 đến ST10 được chọn như được thông báo trong ví dụ 2, sử dụng thử nghiệm A. Các kết quả được tổng kết trong bảng 4.

Chủng	Hoạt tính riêng glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)		Hoạt tính tương đối (% DGCC7710)
	Trung bình	STD	
DGCC7710 (ST1 typ)	2756	140	100
ST2	2250	381	82
ST3	2595	173	94
ST4	2014	105	73
ST5	ND	ND	ND
ST6	2892	354	105
ST7	2791	104	101
ST8	2471	293	90
ST9	2553	337	93
ST10	2718	280	99
ST0	977	29	35

Bảng 4: Hoạt tính riêng glucokinaza của 11 chủng: 10 chủng - ST1 đến ST10 – mỗi chủng thể hiện biến thể GlcK protein khác nhau và ST0 được nhận biết trong ví dụ 1; ND: không xác định

Các dữ liệu này thể hiện rằng hoạt tính glucokinaza của các chủng ST1 đến ST10 gồm từ 2014 đến 2791 U/g tổng dịch chiết protein như được đánh giá bằng thử nghiệm A. Hoạt tính glucokinaza cao hơn 1800 U/g tổng dịch chiết protein được xem là thể hiện hoạt tính glucokinaza bình thường. Hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 được xem là hoạt tính glucokinaza tham chiếu (khi sự biểu hiện typ GlcK nhiều nhất, được xác định là SEQ ID NO:2).

Trái lại, chủng ST0, biểu hiện GlcK protein mang lysin ở vị trí 275 có hoạt tính glucokinaza khoảng 977 U/g tổng dịch chiết protein như được đánh giá bằng thử nghiệm A, nghĩa là ít hơn khoảng 3 lần hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 (35%).

Các dữ liệu này thể hiện rằng cách tiếp cận được giữ lại bởi các tác giả sáng chế cho phép lựa chọn đối với lần thứ nhất chủng *S. thermophilus* âm tính về galactose biểu hiện glucokinaza, mà hoạt tính của nó bị giảm đáng kể nhưng không vô hiệu.

Ví dụ 4: So sánh hoạt tính glucokinaza, Vmax, Km, mức giải phóng glucoza và động học axit hoá của chủng DGCC7710, dẫn xuất DGCC7710 mang sự khác nhau về E275K và biến thể dương tính về galactose của DGCC7710 mang sự thay đổi axit amin vô hiệu glucokinaza

Để kiểm tra dấu hiệu tiết glucoza của chủng ST0 là kết quả của việc giảm hoạt tính glucokinaza và kết quả về sự khác nhau axit amin E275K được nhận biết trong glucokinaza, dẫn xuất của chủng DGCC7710 được thiết kế, mà trong đó gen *glcK* gen mã hoá glucokinaza với axit glutamic (E) ở vị trí 275 được thay thế bằng axit amin lysin (K). Dẫn xuất (DGCC12534) được lưu trữ ở DSMZ vào ngày 15 tháng 8 năm 2017 với số truy cập DSM32587. Trình tự của GlcK protein của nó là như được xác định trong SEQ ID NO:22.

Theo cách song song, thể đột biến của DGCC7710 được tạo ra, mà trong đó serin (S) ở vị trí 72 được thay thế bằng prolin (P), thu được GlcK protein với trình tự như được xác định trong SEQ ID NO:23 [thay thế axit amin S72P; được thông báo trong chủng DSM25851 của WO2013/160413]. Vì sự thay thế axit amin S72P dẫn đến hoạt tính glucokinaza vô hiệu (nghĩa là chủng mà không có khả năng sử dụng glucoza thông qua glucokinaza), thể đột biến được tạo ra trước dương tính với galactoza (để cho phép sử dụng galactoza, vì chủng *S. thermophilus* âm tính về galactoza thể hiện hoạt tính glucokinaza vô hiệu được cho là không thể sống). Do đó, đoạn khởi đầu gal operon của chủng DGCC7710 được đột biến trước theo WO2011/026863 để thu được đoạn khởi đầu gal operon có trình tự như được xác định trong SEQ NO:24. Thể đột biến dương tính về galactoza mang sự thay thế axit amin S72P trong GlcK protein thu được và được gọi là ST1m-*glcK0*-gal+.

Sự căn chỉnh trình tự protein của glucokinaza của chủng DGCC7710, DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+ được bộc lộ trên Fig.1.

Hoạt tính glucokinaza, V_{max} và K_m của glucokinaza, mức giải phóng glucoza trong sữa lên men, và động học axit hoá, của các chủng DGCC7710, DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+ được xác định như được mô tả trong phần Vật liệu và phương pháp. Các kết quả thu được được bộc lộ trong các bảng 5 đến 7 và trên Fig.2, và được tổng kết trong bảng 8.

Chủng	Hoạt tính riêng glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)		Hoạt tính tương đối (% DGCC7710)
	Trung bình	STD	
DGCC7710	2756	140	100
DSM32587	907	32	33
ST1m- <i>glcK0</i> -gal+	0	/	0

Bảng 5: Hoạt tính riêng glucokinaza của chủng DGCC7710 và trong chủng DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+ và % hoạt tính khi so với hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710

Chủng	Vmax Glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)			Km Glucokinaza (mM)	
	Trung bình	STD	% DGCC7710	Trung bình	STD
DGCC7710	2855	178	100	1319	73
DSM32587	914	21	32	1328	56
ST1m- <i>glcK0</i> -gal+	ND	/	ND	ND	/

Bảng 6: Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710 và trong chủng DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+ và % Vmax của glucokinaza khi so với Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710 và hoạt tính Km của glucokinaza của các chủng DGCC7710, DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+; ND: không xác định

Chủng	Lactoza được tiêu thụ (mM)	Glucoza được giải phóng (mM)	Glucoza được giải phóng/ Lactoza được tiêu thụ (%)
DGCC7710	55	0	0
DSM32587	83	29	35
ST1m- <i>glcK0</i> -gal+	160	109	68

Bảng 7: Sự chuyển hoá carbohydrat trong sữa lên men (24 giờ) với chủng DGCC7710, DSM32587 hoặc ST1m-*glcK0*-gal+.

Chủng	Hoạt tính riêng glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)	Vm Glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)	Glucoza được giải phóng/ lactoza được tiêu thụ (%)	Giảm độ pH= 6-5,5 (UpH/phút)
DGCC7710	2756	2855	0	-0,0117
DSM32587	907	914	35	-0,0141
ST1m- <i>glcK0</i> -gal+	0	ND	68	-0,0077

Bảng 8: Tổng kết về hoạt tính của các chủng DGCC7710, DSM32587 và ST1m-*glcK0*-gal+; ND: không xác định

Thứ nhất, dữ liệu của bảng 5 thể hiện chi tiết rằng bằng cách thay thế axit glutamic (E) ở vị trí 275 của GlcK protein bằng lysin (K) đủ một mình làm giảm đáng kể hoạt tính glucokinaza từ 2756 đến 907 U/g (nghĩa là, 33% hoạt tính DGCC7710) trong dẫn xuất DGCC7710 (DSM32587). Dữ liệu thu được đối với thể đột biến ST1m-

glcK0-gal+ xác nhận rằng sự thay đổi axit amin S72P đủ để loại bỏ hoàn toàn hoạt tính glucokinaza. Cùng với hoạt tính glucokinaza, các tác giả sáng chế cũng đã nghiên cứu xem liệu mức giảm đã quan sát của hoạt tính glucokinaza trong chủng DSM32587 có phải là kết quả của việc giảm ái lực (K_m) của glucokinaza đối với cơ chất của nó (glucoza) và/hoặc giảm vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza hay không. Dữ liệu của bảng 6 xác nhận rằng việc thay thế axit glutamic (E) ở vị trí 275 của GlcK protein bằng lysin (K) đủ một mình để làm giảm đáng kể V_{max} của glucokinaza từ 2855 đến 914 U/g (nghĩa là, 32% V_{max} của DGCC7710) trong dẫn xuất DGCC7710 (DSM32587). Khi vắng mặt glucokinaza chức năng trong thể đột biến ST1m-*glcK0-gal+*, V_{max} không thể xác định được.

Dữ liệu của bảng 7 thể hiện rằng chủng DSM32587 giải phóng 29 mM glucoza sau khi lên men sữa, trong khi chủng DGCC7710 có hoạt tính glucokinaza ở mức cao không giải phóng lượng đủ glucoza; hơn nữa, chủng DSM32587 tiêu thụ lactoza nhiều hơn gấp 1,5 lần so với chủng DGCC7710. Glucoza được giải phóng trong sữa được lên men với DSM32587 tương ứng với 35% lactoza tiêu thụ, trong khi glucoza được giải phóng trong sữa được lên men với chủng DGCC7710 có mức phát hiện thấp (sữa được tìm thấy chứa 175 mM lactoza với mức không phát hiện được của các carbohydrat hoặc axit khác). Các dữ liệu này đã thể hiện rằng chủng DSM32587 – mà trong đó hoạt tính của glucokinaza và V_{max} giảm khoảng 3 lần khi so với hoạt tính của chủng DGCC7710 – bù mức chuyển hóa glucoza nội bào thấp hơn của nó bằng cách tiêu thụ lactoza nhiều hơn 1,5 lần và giải phóng 35% phần glucoza của lactoza đã tiêu thụ sau 24 giờ. Cuối cùng, khi đột biến ST1m-*glcK0-gal+* có liên quan, thể đột biến dương tính về galactoza này tiêu thụ hầu hết tất cả lactoza có mặt trong sữa (160 mM trong số 175 mM), và tiết 109 mM glucoza, tương ứng với 68% lactoza tiêu thụ. Phần glucoza còn lại được cho là được tiết trong sữa nhưng được tiêu thụ lại bởi tế bào, sau khi vận chuyển qua hệ PTS.

Cuối cùng, dữ liệu trên Fig.2 thể hiện rằng động học axit hóa của chủng DSM32587 không bị tác động đáng kể khi so với chủng DGCC7710 (giảm độ pH 6-5,5 của -0,0141 UpH/phút đối với chủng DSM32587 khi so với -0,0117 UpH/phút đối với chủng DGCC7710). Trái lại, mức giảm độ pH 6-5,5 của thể đột biến ST1m-*glcK0-gal+* bị tác động đáng kể (-0,0077 UpH/phút).

Nói chung, các dữ liệu này thể hiện rằng, hoạt tính glucokinaza và V_{max} giảm

nhiều (đến 0), các chủng đã tiêu thụ nhiều lactoza và lượng glucoza được tiết nhiều hơn. Các dữ liệu này xác nhận rằng sự vắng mặt của glucokinaza chức năng, trong khi tạo ra lượng lớn glucoza đã tiết, tác động đáng kể đến động học axit hóa trong *S. thermophilus* dương tính về galactoza. Các tác giả sáng chế đã ngạc nhiên phát hiện ra rằng sự kết hợp của dấu hiệu “âm tính về galactoza” của chủng *S. thermophilus* và dấu hiệu “hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” trong chủng này cùng với dấu hiệu “Vmax của glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” trong chủng này cho phép thu được các chủng có các đặc tính tiết glucoza (lớn hơn 10 mM) trong sữa được lên men với các chủng này.

Ví dụ 5: So sánh hoạt tính glucokinaza, Vmax, Km, mức giải phóng glucoza và động học axit hóa của 2 chủng *S. thermophilus* biểu hiện hoạt tính glucokinaza tiêu chuẩn và các biến thể tương ứng của chúng mang sự khác nhau về E275K

Để kiểm tra rằng tác động của chủng *S. thermophilus* âm tính về galactoza - có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu – đối với mức giải phóng glucoza sau khi lên men và động học axit hóa không bị giới hạn ở nền tảng di truyền của DGCC7710, sự khác nhau về axit amin E275K được đưa vào trong 2 chủng *S. thermophilus* âm tính về galactoza có 2 nền tảng di truyền khác biệt: chủng ST1.1 và chủng ST1.2. Các thể đột biến tương ứng được gọi là ST1.1m-*glcK* và ST1.2m-*glcK*. Trình tự của GlcK của 2 thể đột biến là như được xác định trong SEQ ID NO:22.

Hoạt tính glucokinaza, Vmax và Km của glucokinaza, mức giải phóng glucoza trong sữa lên men, và động học axit hóa, của các thể đột biến ST1.1m-*glcK* và ST1.2m-*glcK* được xác định như được mô tả trong phần Vật liệu và phương pháp) và so với hoạt tính glucokinaza, Vmax và Km của glucokinaza, mức giải phóng glucoza trong sữa lên men, và động học axit hóa, của các chủng ST1.1 và ST1.2. Các kết quả được bộc lộ trong các bảng 9 đến 11 và trên các hình vẽ Fig.3A và Fig.3B, và được tổng kết trong bảng 12.

Chủng	Hoạt tính riêng glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)		Hoạt tính tương đối (% DGCC7710)
	Trung bình	STD	
ST1.1	2584	153	94
ST1.1m- <i>glcK</i>	755	82	27
ST1.2	2239	276	81
ST1.2m- <i>glcK</i>	453	27	16

Bảng 9: Hoạt tính riêng glucokinaza của các chủng ST1.1 và ST1.2 và các thể đột biến E275K tương ứng của chúng và % hoạt tính khi so với hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710

Chủng	Vmax Glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)			Km Glucokinaza(mM)	
	Trung bình	STD	% DGCC7710	Trung bình	STD
ST1.1	2687	172	94	2011	428
ST1.1m- <i>glcK</i>	795	130	28	1923	665
ST1.2	2431	316	85	2532	60
ST1.2m- <i>glcK</i>	501	32	18	2397	452

Bảng 10: Vmax của glucokinaza của các chủng ST1.1 và ST1.2 và các thể đột biến E275K tương ứng của chúng và % Vmax của glucokinaza khi so với Vmax của glucokinaza của chủng DGCC7710 và hoạt tính Km của glucokinaza của các chủng ST1.1 và ST1.2 và các thể đột biến E275K tương ứng của chúng

Chủng	Lactoza được tiêu thụ (mM)	Glucoza được giải phóng (mM)	Glucoza được giải phóng/ Lactoza được tiêu thụ (%)
ST1.1	54	1	1
ST1.1m- <i>glcK</i>	86	30	35
ST1.2	54	0	1
ST1.2m- <i>glcK</i>	69	18	26

Bảng 11: Sự chuyển hóa carbohydrat trong sữa được lên men (24 giờ) với chủng ST1.1, chủng ST1.2 và các thể đột biến E275K tương ứng của chúng

Chủng	Hoạt tính riêng glucokinaza (U/g tổng dịch chiết protein)	Vm Glucokinaza	Glucoza được giải phóng/ lactoza được tiêu thụ (%)	Giảm độ pH6-5,5 (UpH/phút)
ST1.1	2584	2687	1	-0,0160
ST1.1m- <i>glcK</i>	755	795	35	-0,0169
ST1.2	2239	2431	1	-0,0136
ST1.2m- <i>glcK</i>	453	501	26	-0,0150

Bảng 12: Tổng kết sự tác động của các chủng ST1.1 và ST1.2 và các thể đột biến E275K tương ứng của chúng

Thứ nhất, các dữ liệu của bảng 9 thể hiện chi tiết rằng sự thay thế axit glutamic (E) ở vị trí 275 của GlcK protein bằng lysin (K) một mình đủ để làm giảm hoạt tính glucokinaza từ 2584 đến 755 U/g trong nền tảng di truyền của ST1.1 (nghĩa là hoạt tính glucokinaza bằng 27% hoạt tính của DGCC7710) và từ 2239 đến 453 U/g trong nền tảng di truyền của ST1.2 tương ứng (nghĩa là, hoạt tính glucokinaza bằng 16% hoạt tính của DGCC7710). Sự quan sát tương tự được thực hiện đối với Vmax của glucokinaza,

mà sự thay thế của axit glutamic (E) ở vị trí 275 của GlcK protein bằng lysin (K) dẫn đến giảm V_{max} của glucokinaza từ 2687 đến 795 U/g trong nền tảng di truyền của ST1.1 (nghĩa là 28% của DGCC7710) và từ 2431 đến 501 trong nền tảng di truyền của ST1.2 tương ứng (nghĩa là, 18% DGCC7710) (bảng 10).

Dữ liệu của bảng 11 thể hiện rằng các chủng ST1.1m-*glcK* và ST1.2m-*glcK* - có hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu và V_{max} giảm đáng kể nhưng không vô hiệu – giải phóng 30 và 18 mM glucoza tương ứng sau khi lên men sữa, trong khi các chủng ST1.1 và ST1.2 – có hoạt tính glucokinaza cao – không giải phóng lượng glucoza đáng kể. Hơn nữa, các chủng ST1.1m-*glcK* và ST1.2m-*glcK* tiêu thụ lactoza nhiều gấp 1,6 và 1,3 lần lần lượt so với các chủng ST1.1 và ST1.2. Glucoza được giải phóng trong sữa được lên men với các chủng ST1.1m-*glcK* và ST1.2m-*glcK* lần lượt tương ứng với 35% và 26% lactoza tiêu thụ, trong khi glucoza được giải phóng trong sữa được lên men với các chủng ST1.1 và ST1.2 có mức phát hiện thấp hoặc rất gần với 0. Các dữ liệu này đã thể hiện rằng ST1.1m-*glcK* và ST1.2m-*glcK* – trong đó hoạt tính của glucokinaza và V_{max} giảm ít nhất là 3 lần khi với các hoạt tính của các chủng ST1.1 và ST1.2 – bù mức chuyển hóa glucoza nội bào thấp hơn của chúng bằng cách tiêu thụ lactoza nhiều hơn khoảng từ 1,3 đến 1,6 lần và giải phóng khoảng từ 26 đến 35% phần glucoza của lactoza đã tiêu thụ sau 24 giờ.

Cuối cùng, dữ liệu trên Fig.3 thể hiện rằng động học axit hóa của các chủng ST1.1m-*glcK* và ST1.2m-*glcK* không bị tác động đáng kể khi lần lượt so với các chủng ST1.1 và ST1.2 (giảm độ pH 6-5,5 của -0,0169 UpH/phút đối với chủng ST1.1m-*glcK* khi so với -0,0160 UpH/phút đối với chủng ST1.1 và giảm độ pH= 6-5,5 của -0,0150 UpH/phút đối với chủng ST1.2m-*glcK* khi so với -0,0136 UpH/phút đối với chủng ST1.1).

Nói chung, các dữ liệu này xác nhận rằng việc đưa sự khác nhau về E275K trong GlcK protein của 2 chủng *S. thermophilus* âm tính về galactoza với nền tảng di truyền khác biệt đủ để tạo ra sữa lên men với mức glucoza đáng quan tâm.

Tóm lại, lần đầu tiên sáng chế cho biết rằng sự kết hợp của dấu hiệu “âm tính về galactoza” trong chủng *S. thermophilus* với dấu hiệu “hoạt tính glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” trong chủng này cùng với dấu hiệu “ V_{max} của glucokinaza giảm đáng kể nhưng không vô hiệu” trong chủng này, cho phép thu được các chủng *S.*

thermophilus dương tính về lactoza, âm tính về galactoza mà có thể sử dụng được để tạo ra sữa lên men với glucoza được giải phóng/tích tụ.

Ví dụ 6: Nhận biết protein đột biến GlcK khác

Chúng *Streptococcus thermophilus* (ST20) được nhận biết, mà gen *glcK* của nó chứa sự khác nhau về axit amin không liên tiếp, G144S. Sự thay đổi axit amin này không được tìm thấy trong trình tự bất kỳ trong số các trình tự của GlcK của các chủng *S. thermophilus* khác (GlcK typ ST1 đến ST10). Cần phải biết rằng chỉ có sự khác nhau về axit amin giữa trình tự của glucokinaza được mã hóa bởi chủng ST20 và SEQ ID NO:2 là sự khác nhau về axit amin ở vị trí 144 (bảng 3).

Ví dụ 7: Mô tả đặc điểm về tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza trong các thể đột biến *glcK*

Các công bố đơn quốc tế số WO2015/0149940, WO2013/160413 và WO2017/103051 bộc lộ rằng các chủng *Streptococcus thermophilus* giải phóng glucoza. Tuy nhiên, các chủng được bộc lộ trong các tài liệu này là các chủng dương tính về galactoza, hiện tượng mà không nhất thiết được mong muốn và đã thể hiện là không ổn định, cụ thể là khi các chủng được nuôi cấy trên môi trường chứa lactoza.

Như được nêu trên đây, các kết quả thể hiện rằng hoạt tính glucokinaza trong chủng (mà được giảm nhưng không vô hiệu như được xác định trong bản mô tả này) là tham số quan tâm để nhận biết các chủng *Streptococcus thermophilus* giải phóng glucoza. Tuy nhiên, tham số này là có thể không đủ, khi được sử dụng riêng, để nhận biết *Streptococcus thermophilus* giải phóng glucoza đột biến trong (các) gen khác với gen *glcK*.

Do đó, các tác giả sáng chế đã quan sát và kiểm tra rằng, lớn hơn hoạt tính glucokinaza riêng, tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza là tham số tuyệt vời, không chỉ để nhận biết *Streptococcus thermophilus* giải phóng glucoza đột biến trong gen *glcK* của chúng, mà còn nhận biết *Streptococcus thermophilus* giải phóng glucoza đột biến trong các gen khác.

Do đó, tỷ lệ này được tính toán bằng cách:

- xác định hoạt tính beta-galactosidaza (U/g protein) trong chủng, bằng thử nghiệm D

- xác định hoạt tính glucokinaza (U/g protein) trong cùng chủng này, bằng thử nghiệm E; và

- tính toán tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza trong chủng này.

Tỷ lệ này được tính toán trong chủng DGCC7710, chủng DSM32587 (mang đột biến E275K trong gen *glck* của nó), chủng ST1.1, chủng ST1.1m-*glcK* (mang đột biến E275K trong gen *glck* của nó), chủng ST20 (mang đột biến G144S trong gen *glck* của nó) và chủng ST5. Cần phải lưu ý rằng, khi vắng mặt glucokinaza chức năng trong thể đột biến ST1m-*glcK*0-gal+ (hoạt tính GlcK nhỏ hơn 0,1), tỷ lệ này không thể xác định được. Kết quả được tổng kết trong bảng 13 và Fig.4.

Glucose giải phóng trong sữa lên men và động học axit hóa của 6 chủng này cũng được xác định như được mô tả trong phần Vật liệu và phương pháp và được tổng kết trong bảng 14, và so với tác dụng của ST1m-*glcK*0-gal+.

Chủng	Hoạt tính Glck (U/g protein)		Hoạt tính Beta Gal (U/g protein)		Tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza /hoạt tính glucokinaza
	Trung bình	STD	Trung bình	STD	
DGCC7710	1692	298	$5,20 \times 10^{-3}$	$1,19 \times 10^{-3}$	$3,07 \times 10^{-6}$
DSM32587	876	126	$9,95 \times 10^{-3}$	$3,92 \times 10^{-4}$	$1,14 \times 10^{-5}$
ST1.1	1425	189	$3,57 \times 10^{-3}$	$2,77 \times 10^{-4}$	$2,50 \times 10^{-6}$
ST1.1m- <i>glcK</i>	520	55	$6,01 \times 10^{-3}$	$3,82 \times 10^{-4}$	$1,16 \times 10^{-5}$
ST20	889	99	$8,01 \times 10^{-3}$	$2,01 \times 10^{-4}$	$9,01 \times 10^{-6}$
ST5	1168	89	$3,09 \times 10^{-3}$	$1,88 \times 10^{-4}$	$2,64 \times 10^{-6}$

Bảng 13: Tổng kết tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza trong các chủng DGCC7710, DSM32587, ST1.1, ST1.1m-*glcK*, ST20 và ST5

Chủng	Tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza/hoạt tính glucokinaza	Glucose giải phóng (mM) (thử nghiệm B)	Giảm độ pH =6-5,5 (UpH/phút)
DGCC7710	$3,07 \times 10^{-6}$	< 0,1	-0,0140
DSM32587	$1,14 \times 10^{-5}$	32	-0,0148
ST1.1	$2,50 \times 10^{-6}$	< 0,1	-0,0180
ST1.1m- <i>glcK</i>	$1,16 \times 10^{-5}$	35	-0,0168
ST20	$9,01 \times 10^{-6}$	49	-0,0121
ST5	$2,64 \times 10^{-6}$	< 0,1	-0,0065
ST1m- <i>glcK</i> 0-gal+	/	68	-0,0077

Bảng 14: Tổng kết tác dụng của các chủng DGCC7710, DSM32587, ST1.1, ST1.1m-*glcK*, ST20, ST5 và ST1m-*glcK0-gal+*

Các dữ liệu này thể hiện rằng tất cả các chủng giải phóng glucoza (ít nhất là 32 mM) thể hiện tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza lớn hơn hoặc bằng $9,10^{-6}$, trong khi tất cả các chủng mà đối với mức glucoza không phát hiện được thể hiện tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza nằm trong khoảng từ 2 đến 3×10^{-6} .

Điều này xác nhận rằng tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza (như được tính toán trong bản mô tả này) là tham số tuyệt vời để nhận biết các chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza giải phóng lượng glucoza đáng kể.

Ví dụ 8: Mô tả đặc điểm về tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza trong thể đột biến *ccpA*

Dựa vào kết luận của ví dụ 7, các tác giả sáng chế đã xác định được hoạt tính beta-galactosidaza (thử nghiệm D) so với hoạt tính glucokinaza (thử nghiệm E) của các chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza (không đột biến trong gen *glcK* của chúng) của bộ sưu tập độc quyền DuPont.

Một chủng (ST30) đã thể hiện có tỷ lệ như vậy. Việc sắp xếp trình tự của hệ gen của chủng này đã biểu thị đột biến trong gen *ccpA*: loại bớt nucleotit A trong đoạn dài 7 nucleotit A ở vị trí 114-120 (SEQ ID NO:71), dẫn đến sự dịch chuyển khung của khung đọc mở của gen *ccpA*.

Đột biến này được đưa vào trong nền tảng di truyền của chủng DGCC7710 để thu được chủng ST1m-*ccpA* (nghĩa là, dẫn xuất DGCC7710 thứ nhất được thiết kế mà trong đó gen *ccpA* của chủng DGCC7710 được sao chép bởi gen *ccpA* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:71). Cùng đột biến này được đưa vào trong nền tảng của chủng ST1.1, thu được chủng ST1.1m-*ccpA*. Đột biến này cũng được đưa vào trong DSM32587 (nghĩa là DGCC7710 mang gen *glcK* đột biến mã hoá glucokinaza với sự thay thế E275K), để thu được ST1m-*glcK+ccpA*.

Tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza được tính toán trong chủng DGCC7710, chủng ST1m-*ccpA*, chủng ST1.1 và chủng ST1.1m-*ccpA*. Các kết quả được tổng kết trong bảng 15 và Fig.4. Glucoza giải phóng trong sữa lên

men và động học axit hoá của 4 chủng này cũng được xác định như được mô tả trong phần Vật liệu và phương pháp và được tổng kết trong bảng 16.

Chủng	Hoạt tính Glck (U/g protein)		Hoạt tính Beta Gal (U/g protein)		Tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza/ hoạt tính glucokinaza
	Moy	SD	Moy	SD	
DGCC7710	1692	298	$5,20 \times 10^{-3}$	$1,19 \times 10^{-3}$	$3,07 \times 10^{-6}$
ST1m- <i>ccpA</i>	1871	310	$1,84 \times 10^{-2}$	$2,25 \times 10^{-3}$	$9,82 \times 10^{-6}$
ST1.1	1425	189	$3,57 \times 10^{-3}$	$2,77 \times 10^{-4}$	$2,50 \times 10^{-6}$
ST1.1m- <i>ccpA</i>	1701	290	$1,03 \times 10^{-2}$	$1,44 \times 10^{-3}$	$6,07 \times 10^{-6}$

Bảng 15: Tổng kết của tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza trong các chủng DGCC7710, ST1m-*ccpA*, ST1.1 và ST1.1m-*ccpA*

Chủng	Tỷ lệ của hoạt tính ratio beta-galactosidaza /hoạt tính glucokinaza	Glucosa (mM)	Giảm độ pH =6-5,5 (UpH/phút)
DGCC7710	$3,07 \times 10^{-6}$	< 0,1	-0,0140
ST1m- <i>ccpA</i>	$9,82 \times 10^{-6}$	12	-0,0125
ST1m-KO <i>ccpA</i>	nd	28	-0,0084
ST1m-glck+ <i>ccpA</i>	nd	39	-0,0100
ST1.1	$2,50 \times 10^{-6}$	< 0,1	-0,0180
ST1.1m- <i>ccpA</i>	$6,07 \times 10^{-6}$	14	-0,0160

Bảng 16: Tổng kết tác dụng của các chủng DGCC7710, ST1m-*ccpA*, ST1m-KO*ccpA*, ST1m-glck+*ccpA*, ST1.1 và ST1.1m-*ccpA* (nd: không xác định được)

Thứ nhất, các dữ liệu này xác nhận rằng đột biến *ccpA* nhận biết dẫn đến chủng thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza là 6 và $9,8 \times 10^{-6}$, trong khi các chủng không đột biến trong gen *ccpA* thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza là $2,5 \times 10^{-6}$ và $3,10^{-6}$. Tiếp theo, các dữ liệu này cũng xác nhận rằng các chủng mang đột biến *ccpA* được đột biến giải phóng glucoza trong quá trình lên men sữa, trái với các chủng không đột biến trong gen *ccpA*. Cuối cùng, các dữ liệu này cũng thể hiện rằng động học axit hoá của các chủng mang đột biến *ccpA* được đột biến không bị tác động.

Nói chung, các kết quả này xác nhận rằng tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza như được xác định trong bản mô tả này là tham số tuyệt vời để nhận biết các chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza giải phóng lượng glucoza đáng kể.

Các kết quả này cũng thể hiện rằng các tác giả sáng chế đã nhận biết được, ngoài các đột biến của gen *glcK* mã hoá glucokinaza, mà hoạt tính của nó giảm nhưng không vô hiệu, gen khác - gen *ccpA* - mà có thể được đột biến (nhưng không bị ngắt quãng) thu được chủng giải phóng glucoza và có động học axit hoá tốt. Tác dụng của chủng DGCC7710 mang gen *ccpA* đột biến (SEQ ID NO:71) [ST1m-*ccpA*] được so với tác dụng của dẫn xuất DGCC7710 mà trong đó gen *ccpA* của chủng DGCC7710 bị ngắt quãng (ST1m-KO*ccpA*). Điều thú vị là, phép so sánh này thể hiện rằng ST1m-KO*ccpA* bị tác động đáng kể về các động học axit hoá của nó, trong khi chủng ST1m-*ccpA* không bị tác động (bảng 16), thể hiện rằng đột biến của gen *ccpA* trong chủng ST1m-*ccpA* khác với sự ngắt quãng tinh khiết của gen.

Cuối cùng, việc đưa cả gen *glcK* đột biến và gen *ccpA* đột biến trong chủng DGCC7710 thể hiện lượng glucoza (39 mM) mà được gia tăng khi so với chủng DSM32587 (bảng 14) và với chủng ST1m-*ccpA*.

Ví dụ 9: Mô tả đặc điểm về tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza trong các chủng được đột biến trong gen *manL* và cả gen *ccpA* và *manL* và so với tỷ lệ trong các chủng đột biến trong gen *glcK* hoặc gen *ccpA*

Trong các thử nghiệm khác, các tác giả sáng chế đã nhận biết được các chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza (không đột biến trong gen *glcK* của nó) mang đột biến trong gen *manL* (gen mã hoá IIAB^{Man} protein, protein là một phần của PTS đặc hiệu mannoza-glucoza). Đột biến của gen *manL* là sự thay thế nucleotit G trong nucleotit T ở vị trí 916, dẫn đến codon dừng ở vị trí 306 của protein [IIAB^{Man}₃₀₅] (SEQ ID NO:155).

Đột biến này được đưa vào trong nền tảng di truyền của chủng DGCC7710 để thu được chủng ST1m-*manL*; cùng đột biến này được đưa vào trong nền tảng của chủng ST1.1, để thu được chủng ST1.1m-*manL*. Ngoài ra, gen đột biến *manL* được đưa vào trong chủng ST1m-*ccpA* và chủng ST1.1m-*ccpA* được mô tả chi tiết trong ví dụ 8 (nghĩa là, các chủng DGCC7710 và ST1.1 mang gen *ccpA* đột biến).

Tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza được tính toán trong chủng DGCC7710, chủng ST1m-*manL*, chủng ST1m-*ccpA*, chủng ST1m-*ccpA*+*manL*, chủng ST1.1, chủng ST1.1m-*manL*, chủng ST1.1m-*ccpA* và chủng ST1.1m-*ccpA*+*manL*. Các kết quả được tổng kết trong bảng 17 và Fig.4. Glucoza giải phóng trong sữa lên men và động học axit hoá của 8 chủng cũng được xác định như

được mô tả trong phần Vật liệu và phương pháp và được tổng kết trong bảng 18.

Chủng	(Các) gen đột biến	Hoạt tính Glck (U/g protein)		Hoạt tính Beta Gal (U/g protein)		Tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza /hoạt tính glucokinaza
		Trung bình	STD	Trung bình	STD	
DGCC7710	/	1692	298	$5,20 \times 10^{-3}$	$1,19 \times 10^{-3}$	$3,07 \times 10^{-6}$
ST1m- <i>ccpA</i>	<i>ccpA</i>	1871	310	$1,84 \times 10^{-2}$	$2,25 \times 10^{-3}$	$9,82 \times 10^{-6}$
ST1m- <i>manL</i>	<i>manL</i>	1667	147	$4,24 \times 10^{-3}$	$1,89 \times 10^{-4}$	$2,54 \times 10^{-6}$
ST1m- <i>ccpA</i> + <i>manL</i>	<i>ccpA</i> + <i>manL</i>	1765	129	$1,61 \times 10^{-2}$	$4,76 \times 10^{-4}$	$9,11 \times 10^{-6}$
ST1.1	/	1425	189	$3,57 \times 10^{-3}$	$2,77 \times 10^{-4}$	$2,50 \times 10^{-6}$
ST1.1m- <i>ccpA</i>	<i>ccpA</i>	1701	290	$1,03 \times 10^{-2}$	$1,44 \times 10^{-3}$	$6,07 \times 10^{-6}$
ST1.1m- <i>manL</i>	<i>manL</i>	1413	148	$3,27 \times 10^{-3}$	$1,99 \times 10^{-4}$	$2,32 \times 10^{-6}$
ST1m- <i>ccpA</i> + <i>manL</i>	<i>ccpA</i> + <i>man</i>	1547	120	$1,47 \times 10^{-2}$	$2,43 \times 10^{-3}$	$9,49 \times 10^{-6}$

Bảng 17: Tổng kết tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza trong các chủng DGCC7710, ST1m-*manL*, ST1m-*ccpA*, ST1m-*ccpA*+*manL*, ST1.1, ST1.1m-*manL*, ST1.1m-*ccpA* và ST1.1m-*ccpA*+*manL*

Chủng	(Các) gen đột biến	Tỷ lệ	Glucose (mM)	Giảm pH 6-5,5 (UpH/phút)
DGCC7710	/	$3,07 \times 10^{-6}$	< 0,1	-0,0140
ST1m- <i>ccpA</i>	<i>ccpA</i>	$9,82 \times 10^{-6}$	12	-0,0125
ST1m- <i>manL</i>	<i>manL</i>	$2,54 \times 10^{-6}$	17	-0,0104
ST1m- <i>ccpA</i> + <i>manL</i>	<i>ccpA</i> + <i>manL</i>	$9,11 \times 10^{-6}$	124	-0,0089
ST1.1	/	$2,50 \times 10^{-6}$	< 0,1	-0,0180
ST1.1m- <i>ccpA</i>	<i>ccpA</i>	$6,07 \times 10^{-6}$	14	-0,0160
ST1.1m- <i>manL</i>	<i>manL</i>	$2,32 \times 10^{-6}$	7	-0,0123
ST1.1m- <i>ccpA</i> + <i>manL</i>	<i>ccpA</i> + <i>manL</i>	$9,49 \times 10^{-6}$	107	-0,0091

Bảng 18: Tổng kết tác dụng của các chủng DGCC7710, ST1m-*manL*, ST1m-*ccpA*, ST1m-*ccpA*+*manL*, ST1.1, ST1.1m-*manL*, ST1.1m-*ccpA* và ST1.1m-*ccpA*+*manL*

Thứ nhất, các dữ liệu này thể hiện rằng các chủng được đột biến trong gen *manL* của chúng (ST1m+*manL* hoặc ST1.1m-*manL*) chỉ giải phóng glucose trong quá trình lên men sữa, mặc dù chúng không thể hiện tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza mà nhiều hơn hoặc ít tương tự với chủng DGCC7710 hoặc ST1.1.

Điều này thể hiện rằng đột biến *manL* không tác động đến hoạt tính của glucokinaza và/hoặc hoạt tính của beta-galactosidaza trong chủng *Streptococcus thermophilus*.

Các dữ liệu này cũng thể hiện rằng các chủng đột biến trong cả gen *ccpA* và gen *manL* của chúng (các chủng ST1m-*ccpA*+*manL* và ST1.1m-*ccpA*+*manL*) thể hiện tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza mà tương tự hoặc cao hơn so với các chủng chỉ đột biến trong gen *ccpA* (các chủng ST1m-*ccpA* và ST1.1m-*ccpA*). Điều này xác nhận rằng tỷ lệ hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza (như được xác định trong bản mô tả này) có thể được sử dụng để tạo ra và nhận biết các đột biến khác nữa trong gen *glcK*, gen *ccpA* và gen *man*, bằng cách kết hợp (các) gen đột biến này để được đánh giá với gen *glcK*, gen *ccpA* hoặc gen *man* với các đột biến đã biết (và xác định tỷ lệ).

Điều thú vị là, các đột biến kép (*ccpA*+*manL*) giải phóng glucoza với nồng độ cao hơn 100 mM, và gấp 7 đến 10 lần nồng độ glucoza của các chủng ST1m-*ccpA* và ST1.1m-*ccpA*. Các dữ liệu này thể hiện rằng có sự hiệp đồng liên quan đến nồng độ của glucoza được giải phóng [nồng độ của glucoza được giải phóng bằng cách sử dụng đột biến kép lớn hơn nhiều so với việc cộng nồng độ của glucoza được giải phóng bằng cách sử dụng các chủng đột biến *ccpA* và nồng độ của glucoza được giải phóng bằng cách sử dụng các chủng đột biến *manL*]. Mặc dù các động học axit hoá của các chủng đột biến kép bị tác động, nồng độ của glucoza được giải phóng trong quá trình lên men tạo ra các chủng đột biến kép này hữu ích về mặt công nghiệp. Các dữ liệu này xác nhận rằng tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza (như được xác định trong bản mô tả này) có thể được sử dụng để nhận biết các chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza giải phóng lượng glucoza đáng kể.

Cuối cùng, trong bản mô tả này, liên kết đưa ra bằng chứng giữa tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza và mức giải phóng glucoza trong quá trình lên men sữa, có thể được sử dụng để nhận biết các gen khác, mà đột biến của chúng dẫn đến tỷ lệ như được xác định trong bản mô tả này, với mục đích thiết kế nhiều chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza giải phóng glucoza.

Ví dụ 10: Mức giải phóng glucoza của các chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza đột biến khác nhau

Dựa vào sự nhận biết đột biến *manL* làm tăng cường tác dụng giải phóng glucoza của gen *ccpA* đột biến trong các chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, các tác giả sáng chế đã nhận biết được các đột biến khác trong *manM* (mã hóa IIC^{Man} protein) và *ManN* (mã hóa IID^{Man} protein):

- gen *manM* đột biến với sự thay thế nucleotit G bằng nucleotit T ở vị trí 625, dẫn đến codon dừng ở vị trí 209, như được xác định trong SEQ ID NO:201;

- gen *manN* đột biến với sự lồng vào nucleotit A có chiều dài 5 nucleotit A ở vị trí 37-41 (dẫn đến chiều dài 6 nucleotit A, dịch chuyển khung và cắt cụt IID^{Man} protein ở vị trí 28), như được xác định trong SEQ ID NO:250;

Các chủng đột biến kép và đột biến bộ ba, dựa vào các gen đột biến sau, được thiết kế, trong nền tảng DGCC7710 (ST1) hoặc trong nền tảng ST1.1.

- dẫn xuất ST1m-*manM*: DGCC7710, mà trong đó gen *manM* của chủng DGCC7710 được thay thế bằng gen *manM* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:201;

- dẫn xuất ST1m-*manN*: DGCC7710, mà trong đó gen *manN* được thay thế bằng gen *manN* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:250;

- dẫn xuất ST1m-*glcK*+*manM*: DSM32587 (mang gen *glcK* mã hoá glucokinaza với sự thay thế E275K; ví dụ 2), mà trong đó gen *manM* được thay thế bằng gen *manM* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:201;

- dẫn xuất ST1m-*ccpA*+*manM*: ST1m-*ccpA* (DGCC7710 mang gen *ccpA* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:71; ví dụ 8), mà trogn đó gen *manM* được thay thế bằng gen *manM* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:201;

- dẫn xuất ST1m-*ccpA*+*manN*: ST1m-*ccpA*, mà trong đó gen *manN* được thay thế bằng gen *manN* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:250;

- dẫn xuất ST1m-*glcK*+*ccpA*+*manM*: DSM32587, mà trong đó gen *ccpA* được thay thế bằng gen *ccpA* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:71 và gen *manM* được thay thế bằng gen *manM* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:201; và

- dẫn xuất ST1.1m-*glcK*+*manM*: ST1.1m-*glcK* (chủng ST1.1 mang gen *glcK* mã hoá glucokinaza với sự thay thế E275K; ví dụ 2), mà trong đó gen *manM* được thay thế bằng gen *manM* đột biến như được xác định trong SEQ ID NO:201.

Glucoza giải phóng trong sữa lên men và động học axit hoá của 7 chủng bổ sung và các chủng được bọc lộ trong các ví dụ trước đây được xác định như được mô tả

trong phần Vật liệu và phương pháp và được tổng kết trong bảng 19.

Chủng	(Các) gen đột biến	Glucose (mM)	Giảm độ pH =6-5,5 (UpH/phút)
DGCC7710	/	< 0,1	-0,0140
DSM32587	Glck275	32	-0,0148
ST1m- <i>ccpA</i>	<i>ccpA</i>	12	-0,0125
ST1m- <i>glcK+ccpA</i>	Glck275 + <i>ccpA</i>	39	-0,0100
ST1m- <i>manL</i>	<i>manL</i>	17	-0,0104
ST1m- <i>manM</i>	<i>manM</i>	18	-0,0089
ST1m- <i>manN</i>	<i>manN</i>	13	-0,0095
ST1m- <i>glck+manM</i>	Glck275+ <i>manM</i>	112	-0,0104
ST1m- <i>ccpA+manL</i>	<i>ccpA+manL</i>	124	-0,0089
ST1m- <i>ccpA+manM</i>	<i>ccpA+manM</i>	124	-0,0082
ST1m- <i>ccpA+manN</i>	<i>ccpA+manN</i>	123	-0,0109
ST1m- <i>glcK+ccpA+manM</i>	Glck275+ <i>ccpA+manM</i>	125	-0,0092
ST20	Glck144	49	-0,0124
ST1.1	/	< 0.1	-0,0180
ST1.1m- <i>glcK</i>	Glck275	35	-0,0168
ST1.1m- <i>ccpA</i>	<i>ccpA</i>	14	-0,0160
ST1.1m- <i>manL</i>	<i>manL</i>	7	-0,0123
ST1.1m- <i>glcK+manM</i>	<i>glcK275+manM</i>	89	-0,0140
ST1.1m- <i>ccpA+manL</i>	<i>ccpA+manL</i>	107	-0,0091

Bảng 19: Tổng kết tác dụng của các chủng DGCC7710, ST1.1 và các thể đột biến của chúng (nd: không được xác định)

Các dữ liệu đã thể hiện rằng, trong khi các thể đột biến man riêng rẽ (*manL*, *manM* hoặc *ManN*) giải phóng glucose khoảng từ 7 đến 18 mM, việc đưa các gen *manL*, *manM* hoặc *ManN* đột biến trong các chủng mang các đột biến trong gen *glcK* và/hoặc trong gen *ccpA* dẫn đến các thể đột biến kép hoặc đột biến bộ ba giải phóng khoảng từ 89 đến 125 mM glucose. Các quan sát này xác nhận rằng tác dụng tăng cường của các gen mang đột biến đối với sự giải phóng glucose.

Các dữ liệu cũng xác nhận rằng các gen đột biến có thể được nhận biết thành công bằng cách sử dụng hoạt tính beta-galactosidaza so với hoạt tính glucokinaza như được xác định trong bản mô tả này, và sau đó kết hợp để thiết kế các chủng giải phóng lượng glucose đáng kể trong quá trình lên men sữa. Việc xác định ở chỗ, tỷ lệ này là tham số tuyệt vời được liên kết với sự giải phóng glucose mở ra con đường không chỉ

tạo ra và nhận biết các đột biến khác trong gen *glcK*, gen *ccpA*, gen *manL*, gen *manM* và gen *manN*, mà còn cả ở trong gen quan tâm khác bất kỳ (miễn là đạt đến trị số tối thiểu của tỷ lệ như được xác định).

Trình tự

SEQ ID NO:2

MSKKLLGIDLGGTTVKFGILTADGEVQEKWAIETNTFENGSHIVPDIVESLKHR
LELYGLTAEDFIGIGMGSPGAVDRENKTVTGAFNLNWAETQEVGSVIEKELGIP
FAIDNDANVAALGERWVGAGANNRNVVFITLGTGVGGGVIADGNLIHGVAGA
GGEIGHIIVEPDTGFECTCGNKGCLTVASATGIVRVAHHLAEK YEGNSSIKAA
VDNGEFVTSKDIIVAATEGDKFADSIVDKVSKYLGLATANISNILNPDSVVIGGG
VSAAGEFLRSRVEGYFTRYAFPQVRRTTKVKLAELGNDAGIIGAASLAYSIDK

SEQ ID NO:22

MSKKLLGIDLGGTTVKFGILTADGEVQEKWAIETNTFENGSHIVPDIVESLKHR
LELYGLTAEDFIGIGMGSPGAVDRENKTVTGAFNLNWAETQEVGSVIEKELGIP
FAIDNDANVAALGERWVGAGANNRNVVFITLGTGVGGGVIADGNLIHGVAGA
GGEIGHIIVEPDTGFECTCGNKGCLTVASATGIVRVAHHLAEK YEGNSSIKAA
VDNGEFVTSKDIIVAATEGDKFADSIVDKVSKYLGLATANISNILNPDSVVIGGG
VSAAGKFLRSRVEGYFTRYAFPQVRRTTKVKLAELGNDAGIIGAASLAYSIDK

SEQ ID NO:45

MSKKLLGIDLGGTTVKFGILTADGEVQEKWAIETNTFENGSHIVPDIVESLKHR
LELYGLTAEDFIGIGMGSPGAVDRENKTVTGAFNLNWAETQEVGSVIEKELGIP
FAIDNDANVAALGERWVGAGANNRNVVFITLGTGVSGGVIADGNLIHGVAGA
GGEIGHIIVEPDTGFECTCGNKGCLTVASATGIVRVAHHLAEK YEGNSSIKAA
VDNGEFVTSKDIIVAATEGDKFADSIVDKVSKYLGLATANISNILNPDSVVIGGG
VSAAGEFLRSRVEGYFTRYAFPQVRRTTKVKLAELGNDAGIIGAASLAYSIDK

SEQ ID NO:23

MSKKLLGIDLGGTTVKFGILTADGEVQEKWAIETNTFENGSHIVPDIVESLKHR
LELYGLTAEDFIGIGMGPPGAVDRENKTVTGAFNLNWAETQEVGSVIEKELGIP
FAIDNDANVAALGERWVGAGANNRNVVFITLGTGVGGGVIADGNLIHGVAGA
GGEIGHIIVEPDTGFECTCGNKGCLTVASATGIVRVAHHLAEK YEGNSSIKAA
VDNGEFVTSKDIIVAATEGDKFADSIVDKVSKYLGLATANISNILNPDSVVIGGG
VSAAGEFLRSRVEGYFTRYAFPQVRRTTKVKLAELGNDAGIIGAASLAYSIDK

SEQ ID NO :65

ATGAATACTGATGAAACAATCACAATTTATGATGTAGCGCGTGAAGCTGGA
GTATCGATGGCAACTGTTTCTCGTGTTGTAAATGGTAACAAAAACGTAAAA
GAAAACACCCGAAAAAAAGTGCTCGAAGTCATTGATCGTTTGGATTACCGT
CCAAATGCGGTTGCGCGTGGCTTGGCAAGTAAAAAAACAACTACTGTAGGA
GTTGTCATTCCAAATATTGTAAATAGCTATTTTGCTACTCTAGCTAAAGGTA
TTGATGACATTGCAACCATGTATAAGTATAATATTGTTCTTGCTTCCAGTGA
TGATAATGAGGATCATGAAGTTACAGTCATTCTCTAATTTCTAAACAA
GTTGATGGTATTATTTTATGGGACACCATCTGACAGAAAAAATCCGTGCA

GAATTCTCTCGTACCCGTACACCGATTGTTCTAGCAGGAACAGTTGATCTCG
AACACCAATTACCAAGTGTTAACATCGACTATAAAGCTGCCGTTGAGGATT
GTGTAACGCAACTTGCTAAAAATAATGAAAAGGTTGCCTTTGTATCAGGAC
CACTAATTGATGATATTAATGGCAAACCTACGTTTGGCCGGGTATAAGTCTG
GACTTGAAAAGAATAATTTGAGCTACAACGAAGGACTTGTCTTTGAAGCTA
AATATAGCTATAAAGACGGCTTTGAGTTAGCACAAACGTGTCTTGAAGCTG
GTGCCACTGCTGCCTATGTTGGGGAAGATGAATTGGCTGCAGGTCTCTTGA
ATGGCCTCTTTGCTGCAGGCAAATCAGTTCCAGAAGATTTTCGAAATCATCAC
AAGCAATGATTACCCGGTTACAAGCTACACACGTCCAAACCTTTCTAGTAT
AAACCATCCTCTCTATGATTTAGGGGCAGTTAGCATGCGTATGTTGACTAAA
ATTATGCATAAGGAAGAAGCTTGAAGATAAAGACGTTATTCTTAATCATGGT
CTAACTTTACGCCAGTCAACAAAATAA

SEQ ID NO :71

ATGAATACTGATGAAACAATCACAATTTATGATGTAGCGCGTGAAGCTGGA
GTATCGATGGCAACTGTTTCTCGTGTTGTAAATGGTAACAAAAACGTAAAA
GAAAACACCCGAAAAAAGTGCTCGAAGTCATTGATCGTTTGGATTACCGTC
CAATGCGGTTGCGCGTGCTTGGCAAGTAAAAAACAACCTACTGTAGGAG
TTGTCATTCCAAATATTGTAAATAGCTATTTTGCTACTCTAGCTAAAGGTAT
TGATGACATTGCAACCATGTATAAGTATAATATTGTTCTTGCTTCCAGTGAT
GATAATGAGGATCATGAAGTTACAGTCATTCTCTAATTTCTAAACAAG
TTGATGGTATTATTTTTATGGGACACCATCTGACAGAAAAAATCCGTGCAG
AATTCTCTCGTACCCGTACACCGATTGTTCTAGCAGGAACAGTTGATCTCGA
ACACCAATTACCAAGTGTTAACATCGACTATAAAGCTGCCGTTGAGGATTG
TGTAACGCAACTTGCTAAAAATAATGAAAAGGTTGCCTTTGTATCAGGACC
ACTAATTGATGATATTAATGGCAAACCTACGTTTGGCCGGGTATAAGTCTGG
ACTTGAAAAGAATAATTTGAGCTACAACGAAGGACTTGTCTTTGAAGCTAA
ATATAGCTATAAAGACGGCTTTGAGTTAGCACAAACGTGTCTTGAAGCTGTT
GCCACTGCTGCCTATGTTGGGGAAGATGAATTGGCTGCAGGTCTCTTGAAT
GGCCTCTTTGCTGCAGGCAAATCAGTTCCAGAAGATTTTCGAAATCATCACA
AGCAATGATTACCCGGTTACAAGCTACACACGTCCAAACCTTTCTAGTATA
AACCATCCTCTCTATGATTTAGGGGCAGTTAGCATGCGTATGTTGACTAAAA
TTATGCATAAGGAAGAAGCTTGAAGATAAAGACGTTATTCTTAATCATGGTC
TAACTTTACGCCAGTCAACAAAATAA

SEQ ID NO :122

MGIGIIIASHGRFAEGIHQSGSMIFGDQEKVQVVTFMPSEGPDDL YAHFNNAIAQ
FDVDDEILVLADLWSGSPFNQASRIARENPD RKIAITGLNLPMLIQAYTERMM
DANATVEQVAANIIEAKGGIKALPEELNPAEETTAAPVEAAAPQGAIPEGTVI
GDGKLLKINLARLDTRLLHGQVV TNWVPYSKADRIIVASDDVAKDELRLKELIKQ
AAPNGIKVNVVPIQKLIDASKDPRFGNTHALVLFETVQDALRAIEGGVPIKELN
VGSMAHSTGKTMVNNVLSMDKDDVACFEKLRDLGV EFDVRKVPND SKKDLF
ELIKKANVQ

SEQ ID NO :155

ATGGGTATCGGTATTATTATTGCCAGCCATGGTAGGTTTCGCTGAAGGAATCC
ACCAATCAGGCTCTATGATTTTTGGGGACCAAGAGAAAGTTCAAGTTGTGA
CTTTCATGCCAAGTGAAGGTCCTGATGATTTGTACGCTCACTTCAACAACGC

CATTGCACAATTCGATGTTGATGATGAAATTCTTGTTTTGGCTGACCTTTGG
 AGTGGTTCACCATTTAACCAAGCTAGTCGAATCGCTAGGGAAAATCCAGAT
 CGCAAGATTGCTATCATCACAGGACTTAACTTGCCAATGCTAATCCAAGCA
 TAACTGAACGTATGATGGATGCTAACGCTACTGTAGAGCAAGTTGCTGCT
 AATATCATCAAGGAAGCTAAGGGTGGTATCAAGGCACTTCCAGAAGAGCTA
 AATCCAGCTGAGGAAACAACCTGCAGCTCCTGTAGAAGCTGCAGCACCTCAA
 GGAGCTATCCCTGAAGGAACAGTCATCGGAGATGGTAAACTCAAGATTAAC
 TTGGCACGTTTGGACACACGTCTCTTGTCATGGTCAAGTAGTAATACTGGG
 TACCTTATTCTAAAGCAGACCGTATTATTGTTGCTTCGGATGACGTTGCCAA
 AGATGAGCTTCGTAAGGAATTGATCAAACAGGCTGCACCAAACGGTATTAA
 AGTAAACGTTGTTCCGATTCAAAAATTAATTGATGCTTCTAAAGACCCACGT
 TTTGGAAATACACATGCGCTTGTCTTGTTTCGAAACTGTTCAAGACGCACTTC
 GTGCTATCGAAGGTGGCGTGCCAATAAAAGAACTTAACGTTGGTTCTATGG
 CTCACTCAACTGGTAAAACAATGGTTAACAACGTTTTGTCTATGGATAAAG
 ATGATGTTGCTTGTTTTGAAAAATTACGTGACCTTGGCGTTTAATTTGACGT
 CCGTAAGGTTCCAAACGATTCTAAGAAAGATTTGTTTGAGCTTATCAAGAA
 AGCTAACGTTCAATAA

SEQ ID NO:156

MGIGIIIASHGRFAEGIHQSGSMIFGDQEKVQVVTFMPSEGPDDL YAHFNNAIAQ
 FDVDDEILVLADLWSGSPFNQASRIARENPD RKIAIITGLNLPMLIQAYTERMM
 DANATVEQVAANIIKEAKGGIKALPEELNPAEETTAAPVEAAAPQGAIEGTVI
 GDGKLKINLARLDTRL LHGQVVTNWVPYSKADRIIVASDDVAKDEL RKELIKQ
 AAPNGIKVNVVPIQKLIDASKDPRFGNTHAL VLFETVQDALRAIEGGVPIKELN
 VGSMAHSTGKTMVNNVLSMDKDDVACFEKL RDLGV

SEQ ID NO:174

MSDMSIISAILVVAVAFLAGLESILDQFQFHQPLVACTLIGAATGNLTAGIMLGG
 SLQMITLAWANIGAAVAPDVALASVAAIILVKGGKFTAEGIGVAIAIAILLAV
 AGLFLTMPVRTASIAFVHAADKAAEHGNIAGVERAYYLALLQLRIAVPAAL
 LLAIPAQSVQHALGLMPDWLTHGLVVGGMVVAVGYAMIINMMATREVWPF
 FAIGFALAAISQLTLIALSTIGVAIAFIYLNLSKQGGGNGGGNGGGTSSGSGDPIG
 DILEDY

SEQ ID NO:201

ATGTCAGATATGTCAATTATTTCTGCGATTTTGGTCGTAGCTGTTGCCTTCCT
 TGCTGGTCTTGAAAGTATCCTTGACCAATTCCAATTCCACCAACCACTTGTT
 GCATGTACCCTCATCGGTGCTGCCACAGGTAACCTCACTGCAGGTATCATGC
 TTGGTGGTTCTCTTCAAATGATTACCCTTGCTTGGGCAAACATCGGTGCTGC
 CGTAGCTCCTGACGTTGCCCTTGCTATCTGTTGCCGCTGCCATCATTTTGGTTA
 AAGGTGGTAAATTTACAGCTGAAGGTATCGGTGTTGCGATTGCAATAGCTA
 TCCTGCTTGCAAGTTGCAGGTCTCTTCTAACTATGCCTGTTCTGTACAGCATCT
 ATTGCCTTTGTTTCATGCTGCAGATAAAGCTGCAGAACACGGAAACATCGCT
 GGTGTTGAACGTGCATACTACCTCGCTCTCCTTCTTCAAGGTTTGCATATTG
 CTGTGCCAGCAGCCCTTCTTCTTGCCATCCCGGCCCAATCTGTTCAACATGC
 CCTTGGCTTGATGCCTGACTGGCTCACCCATGGTTTGGTTGTCGGTGGTGGT
 ATGGTCGTAGCCGTTGGTTACGCCATGATTATCAATATGATGGCTACTCGTT
 AAGTTTGGCCATTCTTCGCCATTGGTTTTGCTTTGGCAGCAATTAGCCAATT

GACACTTATCGCTCTTAGTACCATTGGTGTGGCCATCGCCTTCATCTACCTC
AACCTTTCTAAACAAGGTGGCGGAAATGGTGGCGGAAATGGTGGCGGAACT
TCATCTGGTTCAGGCGACCCAATCGGCGATATCTTGGAAGACTACTAG

SEQ ID NO:202

MSDMSIISAILVVAVAFFLAGLESILDQFQFHQPLVACTLIGAATGNLTAGIMLGG
SLQMITLAWANIGAAVAPDVALASVAAIILVKGGKFTAEGIGVAIAIAILLAV
AGLFLTMPVRTASIAFVHAADKAAEHGNIAGVERAYYLALLLQGLRIAVPAAL
LLAIPAQSVQHALGLMPDWLTHGLVVGGMVAVGVYAMIINMMATR

SEQ ID NO:211

MAEKIQLSQADRKKVWWSQFLQGAWNYERMQNLGWAYSILIPAIIKKLYTNK
EDQAAALKRHLEFFNTHPYVAAPIIGVTLALEEEKANGTEIEDAAIQGVKIGMM
GPLAGIGDPVFWFTIRPILGALGASLAQAGNIAGPLIFFIGWNLIRMAFLWYTQE
LGYKAGSEITKDISGGILKDITKGASILGMFILAVLVERWVSVVFTVKLPKGVLP
KGAYIEWPKGYVTGDQLKILGQVNDKLSFDKIQVDTLQKQLDSLIPGLTGLLL
TFACMWLLKKKVSPITIIIGLFVVGIVASFFGIM

SEQ ID NO:250

ATGGCTGAAAAAATTCAATTATCTCAAGCGGATCGTAAAAAAGGTTTGGTG
GCGCTCACAAATTCTTGCAAGGTGCATGGAACATGAACGTATGCAAACTT
GGGTTGGGCTTACTCACTCATTCTGCTATCAAAAACTTTATACTAACAAA
GAGGACCAAGCCGCAGCTCTTAAACGTCACTTGGAATTCTTCAACACTCAC
CCTTACGTAGCTGCTCCTATCATAGGGGTTACCTTAGCTCTTGAAGAAGAAA
AAGCTAATGGTACTGAAATCGAAGATGCGGCTATCCAAGGGGTAAATCG
GTATGATGGGTCCACTTGCCGGTATCGGTGACCCTGTCTTCTGGTTCACAAT
TCGTCCAATTCTTGGTGCCCTTGGTGCATCATTGGCACAAGCTGGTAACATT
GCTGGTCCACTTATCTTCTTCAATTGGTTGGAACCTTATCCGCATGGCCTTCTT
GTGGTACACTCAAGAACTTGGTTACAAAGCAGGTTTCAGAAATCACTAAAGA
CATATCTGGTGGTATCTTGAAAGATATTACTAAAGGGGCATCAATACTTGGT
ATGTTTCACTTGGCCGTCCTCGTTGAACGTTGGGTATCTGTCTGTTCACTGT
AAAGCTTCCAGGTAAAGTTTTGCCTAAAGGTGCTTATATTGAATGGCCAAA
AGGATATGTTACTGGTGACCAACTAAAACTATCCTTGGTCAAGTCAACGA
TAAGCTTAGCTTTGATAAGATTCAAGTCGATACCCTACAAAAACAATTGGA
TTCATTAATTCCAGGTTTGACGGGACTTCTCCTTACTTTTGCATGTATGTGGT
TGCTTAAGAAGAAAGTTTCACCAATCACAATCATCATCGGACTCTTTGTAGT
TGGTATTGTTGCAAGCTTCTTCGGAATCATGTAA

SEQ ID NO:251

MAEKIQLSQADRKKGLVALTILARCMEL

Các chủng

Các số DGCC là các số tham chiếu nội tại đối với bộ sưu tập DuPont Danisco; các số DSM là các số được gán bởi Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, GmbH (Inhoffenstr. 7B, D-38124 Braunschweig), theo sự lưu trữ theo hiệp ước Budapest.

Đến nay, chủng *Streptococcus thermophilus* DGCC7710 được lưu trữ theo hiệp ước Budapest ở Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, GmbH, vào ngày 14 tháng 1 năm 2014 với số DSM28255 là đáng quan tâm, chúng tôi xin xác nhận rằng người gửi lưu trữ, Danisco Deutschland GmbH (ở Busch-Johannsen-Strasse 1, D-25899 Niebüll, Germany) đã uỷ quyền cho người nộp đơn (DuPont Nutrition Biosciences ApS) tham chiếu đến vật liệu sinh học đã lưu trữ trong sáng chế này. Cụm từ “*chủng DGCC7710*” và “*dẫn xuất DGCC7710*” được sử dụng thay thế cho cụm từ “*chủng DSM28255*” và “*dẫn xuất DSM28255*”.

Chủng *Streptococcus thermophilus* được lưu trữ theo hiệp ước Budapest ở Leibniz-Institut DSMZ-Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, GmbH, vào ngày 15 tháng 8 năm 2017 với số DSM32587 đã được lưu trữ bởi DuPont Nutrition Biosciences ApS.

Người nộp đơn yêu cầu rằng mẫu vi sinh vật được lưu trữ được kể đến trong bản mô tả này chỉ có thể khả dụng đối với chuyên gia, cho đến ngày mà bằng độc quyền sáng chế được cấp.

Liên quan đến các chỉ định mà ở đó cơ quan sáng chế châu Âu tìm kiếm, mẫu vi sinh vật đã lưu trữ sẽ khả dụng cho đến khi công bố đề cập đến việc cấp bằng sáng chế của cơ quan sáng chế châu Âu hoặc cho đến ngày mà sáng chế bị từ chối hoặc được rút bỏ hoặc dường như bị rút bỏ, chỉ bằng cách ban hành mẫu như vậy đối với chuyên gia được chỉ định bởi người yêu cầu mẫu và được chấp thuận i) bởi người nộp đơn và/hoặc ii) bởi cơ quan sáng chế châu Âu, bất kể cơ quan nào áp dụng.

Danh mục tài liệu tham chiếu

- Pool *et al.*; 2006. Metabolic Engineering 8(5): 456-464
Porter *et al.*; 1982. Biochim Biophys Acta 709: 178-186
Sørensen *et al.*; 2016. Appl Environ Microbiol 82(12): 3683-3692
Van den Bogaard et al. 2000. Journal of Bacteriology; 182: 5982-5989

YÊU CẦU BẢO HỘ

1. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza, trong đó chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza có đột biến trong gen *glcK*, chủng này có hoạt tính glucokinaza và có hoạt tính glucokinaza nằm trong khoảng từ 200 đến 1500 U/g tổng dịch chiết protein như được đánh giá bằng thử nghiệm A; và chủng này có tỷ lệ của hoạt tính beta-galactosidaza như được đánh giá bằng thử nghiệm D với hoạt tính glucokinaza như được đánh giá bằng thử nghiệm E ít nhất là 4×10^{-6} .
2. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, trong đó hoạt tính glucokinaza trong chủng này nằm trong khoảng từ 300 đến 1200 U/g tổng dịch chiết protein, như được đánh giá bằng thử nghiệm A.
3. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, trong đó hoạt tính glucokinaza trong chủng này nằm trong khoảng từ 10 đến 50% hoạt tính glucokinaza của chủng DGCC7710 (được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014), khi cả hai chủng được đánh giá bằng thử nghiệm A.
4. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, trong đó chủng này có vận tốc tiến về phía trước tối đa (V_{max}) của glucokinaza; và
 V_{max} của glucokinaza được xác định bởi một hoặc hai tham số:
 V_{max} của glucokinaza trong chủng này nằm trong khoảng từ 300 đến 1200 U/g, như được đánh giá bằng thử nghiệm C;
 V_{max} của glucokinaza trong chủng này nằm trong khoảng từ 10 đến 50% V_{max} của glucokinaza của chủng DGCC7710 (được lưu trữ ở DSMZ với số truy cập DSM28255 vào ngày 14 tháng 1 năm 2014), khi cả hai được đánh giá bằng thử nghiệm C.

5. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, trong đó gen *glcK* đột biến mã hóa đối với glucokinaza có axit amin ở vị trí 275 là lysin.

6. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, còn được đột biến trong gen *ccpA*.

7. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 6, trong đó trình tự của gen *ccpA* đột biến là như được xác định trong SEQ ID NO:71.

8. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, còn được đột biến trong gen *manL* mã hoá protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza.

9. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 8, trong đó gen *manL* đột biến mã hoá protein của PTS đặc hiệu manozơ-glucoza mã hoá đối với protein có trình tự IIAB^{Man}₃₀₅ protein của SEQ ID NO:156.

10. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, trong đó chủng *Streptococcus thermophilus* được đặc trưng ở chỗ sữa được lên men bằng chủng *Streptococcus thermophilus* theo thử nghiệm B đạt được nồng độ glucoza ít nhất là 8 mM.

11. Chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza theo điểm 1, mà còn được:

- a) đột biến trong gen *lacZ* mã hoá beta-galactosidaza sao cho hoạt tính thủy phân lactoza của beta-galactosidaza này được gia tăng; hoặc
- b) đột biến trong gen *ptsH* mã hoá HPr.

12. Chế phẩm chứa chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong điểm 1; và

một hoặc nhiều chủng được chọn từ nhóm gồm có chủng của chi *Lactobacillus*, chủng của chi *Lactococcus*, và chủng của chi *Bifidobacterium*.

13. Phương pháp sản xuất sản phẩm lên men, trong đó phương pháp này bao gồm bước:
tiêm truyền cơ chất sữa với chủng *Streptococcus thermophilus* dương tính về lactoza, âm tính về galactoza như được xác định trong điểm 1; và
lên men cơ chất đã tiêm truyền.

14. Phương pháp theo điểm 13, trong đó sản phẩm lên men bao gồm sản phẩm từ sữa lên men, và cơ chất bao gồm cơ chất sữa.

DANH MỤC TRÌNH TỰ

<110> DuPont Nutrition Biosciences ApS

<120> VI KHUẨN AXIT LACTIC CÓ CÁC ĐẶC TÍNH TẠO NGỌT SỬ DỤNG NÓ

<130> NB41231-WO-PCT

<150> EP17210053.9

<151> 2017-12-22

<160> 266

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 969

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 1

atgagtaaga aactccttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatattttg
60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatagctt tgaaaatggt
120

agccacattg ttcctgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
180

actgctgaag attttatttg aattggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctggt
300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
360

ggtgaacggt gggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttat aacattgggt
420

acagggtgtg gtggcgggtg tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtg tgccgggtgct
480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtgt agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtgagttt
660

gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgtt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtga
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 2
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 2

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

Phe	Gly	Ile	Leu	Thr	Ala	Asp	Gly	Glu	Val	Gln	Glu	Lys	Trp	Ala	Ile
			20					25					30		

Glu	Thr	Asn	Thr	Phe	Glu	Asn	Gly	Ser	His	Ile	Val	Pro	Asp	Ile	Val
		35					40					45			

Glu	Ser	Leu	Lys	His	Arg	Leu	Glu	Leu	Tyr	Gly	Leu	Thr	Ala	Glu	Asp
	50					55					60				

Phe	Ile	Gly	Ile	Gly	Met	Gly	Ser	Pro	Gly	Ala	Val	Asp	Arg	Glu	Asn
65					70					75					80

Lys	Thr	Val	Thr	Gly	Ala	Phe	Asn	Leu	Asn	Trp	Ala	Glu	Thr	Gln	Glu
				85					90					95	

Val	Gly	Ser	Val	Ile	Glu	Lys	Glu	Leu	Gly	Ile	Pro	Phe	Ala	Ile	Asp
			100					105					110		

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 3
<211> 969
<212> ADN
<213> *Streptococcus thermophilus*

<400> 3
atgagtaaga aactcttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatatttg
60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatacgtt tgaaaatgg
120

agccacattg ttctgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtagggactt
180

actgctgaag attttattgg aattggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctgtt
300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
360

ggtgaacggt gggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttgt aacattgggt
420

acagggtgtg gtggcgggtg tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtg tgccgggtg
480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtg agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagtt
660

gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtgaaa
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 4
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 4

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 5

<211> 969

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 5

atgagtaaga aactcttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggtattttg
 60

aatgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattggaa caaatacgtt tgaaaatggt
120

agccacattg ttcctgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttgggaatt gtatggactt
180

actgctgaag attttattgg aattggatat ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctggt
300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcaactg
360

ggtgaacggt gggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttgt aacattgggt
420

acaggtgttg gtggcgggtg catcgttgat ggtaaattaa ttcattggtg tgccggtgct
480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaaac tgtagcttca gcaacaggtg ttgtacgtat agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagttt
660

gtgacaagta aagatattct cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtgaaa
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagccg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 6

<211> 322

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 6

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 7
 <211> 969
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 7
 atgagtaaga aactcttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatatttg
 60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatacggt tgaaaatggt
 120

agccacattg ttcttgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
 180

actgctgaag cttttatttg aattggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
 240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctggt
 300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg agctgcactg
360

ggtgaacggt gggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttat aacattgggt
420

acaggtggtg gtggcggtgt tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtgt tgccggtgct
480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtgt agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagttt
660

gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tggtggtggt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtga
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 8
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 8

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

Phe	Gly	Ile	Leu	Thr	Ala	Asp	Gly	Glu	Val	Gln	Glu	Lys	Trp	Ala	Ile
			20					25					30		

Glu	Thr	Asn	Thr	Phe	Glu	Asn	Gly	Ser	His	Ile	Val	Pro	Asp	Ile	Val
		35					40					45			

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Ala
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 9
 <211> 969
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 9
 atgagtaaga aactccttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatatttg
 60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatacgtt tgaaaatgg
 120

agccacattg ttcctgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
 180

actgctgaag attttatttg aattgggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaaat
 240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctggt
 300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
 360

ggtgaacgtt gggttggtgc tgggtgctaac aatcggaatg ttgtctttat aacattgggt
 420

acaggtgttg gtggcgggtg tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtg tgccgggtgct
 480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
 540

aacaaggggt gtctggaaac tgcagcttca gcaacaggta ttgtacgtgt agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagttt
660

gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgtt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtgaac
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 10
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 10

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

Phe	Gly	Ile	Leu	Thr	Ala	Asp	Gly	Glu	Val	Gln	Glu	Lys	Trp	Ala	Ile
			20					25					30		

Glu	Thr	Asn	Thr	Phe	Glu	Asn	Gly	Ser	His	Ile	Val	Pro	Asp	Ile	Val
		35					40					45			

Glu	Ser	Leu	Lys	His	Arg	Leu	Glu	Leu	Tyr	Gly	Leu	Thr	Ala	Glu	Asp
	50					55					60				

Phe	Ile	Gly	Ile	Gly	Met	Gly	Ser	Pro	Gly	Ala	Val	Asp	Arg	Glu	Asn
65					70					75				80	

Lys	Thr	Val	Thr	Gly	Ala	Phe	Asn	Leu	Asn	Trp	Ala	Glu	Thr	Gln	Glu
				85					90					95	

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Ala Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 11
 <211> 969
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 11
 atgagtaaga aactccttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatattttg
 60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatacggt tgaaaaatgg
 120

agccacattg ttcctgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
 180

actgctgaag attttatttg aattgggatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaaat
 240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctgtt
 300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg agctgcactg
 360

ggtgaacggt gggttggtgc tgggtgctaac aatcggaatg ttgtctttat aacattgggt
 420

acaggtgttg gtggcgggtg tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtg tgccgggtgct
 480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
 540

aacaatgggt gtctggaaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtgt aacacatcat
 600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagttt
 660

gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
 720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
 780

ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgtt tctgccgcag gagaattcct gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtgaag
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 12
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 12

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Asn Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 13
<211> 969
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 13

atgagtaaga aactcttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatattttg
60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatagctt tgaaaatggt
120

agccacattg ttcttgacat ttagactct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
180

actgctgaag attttattgg aattggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctgtt
300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
360

ggtgaacggt gggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttgt aacattgggt
420

acaggtgttg gtggcggtgt tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtgt tgccggtgct
480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaaac ttagacttca gcaacaggta ttgtacgtgt agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagctt
660

gtgacaagta aagatattct cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaatagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtgaac
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 14
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 14

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Asp Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 15
 <211> 969
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 15
 atgagtaaga aactccttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggtattttg
 60

aatgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattggaa caaatacgtt tgaaaatggt
 120

agccacattg ttcctgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
 180

actgctgaag attttattgg aattggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
 240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctgtt
300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
360

ggtgaacggt gggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttgt aacattgggt
420

acagggtgtg gtggcgggtg catcgttgat ggtaaattaa ttcattggtg tgccgggtgt
480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtat agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtgagttt
660

gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tggtggtggt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtga
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 16

<211> 322

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 16

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

Phe	Gly	Ile	Leu	Asn	Ala	Asp	Gly	Glu	Val	Gln	Glu	Lys	Trp	Ala	Ile
			20					25					30		

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

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 17
 <211> 969
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 17
 atgagtaaga aactccttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatatttg
 60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatacgtt tgataatggt
 120

agccacattg ttcttgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
 180

actgctgaag attttatttg aattggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
 240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggttctggt
 300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
 360

ggtgaacgtt gggttggtgc tgggtgctaac agtcgggatg ttgtctttgt aacattgggt
 420

acagggtgtg gtggcgggtg tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtg tgccgggtgct
 480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaaac ttagcttca gcaacaggta ttgtacgtgt agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagctt
660

gtgacaagta aagatattct ctagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaatagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg ttgttatcgg tgggtggtgtt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtgaac
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 18
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 18

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

Phe	Gly	Ile	Leu	Thr	Ala	Asp	Gly	Glu	Val	Gln	Glu	Lys	Trp	Ala	Ile
			20					25					30		

Glu	Thr	Asn	Thr	Phe	Asp	Asn	Gly	Ser	His	Ile	Val	Pro	Asp	Ile	Val
		35					40					45			

Glu	Ser	Leu	Lys	His	Arg	Leu	Glu	Leu	Tyr	Gly	Leu	Thr	Ala	Glu	Asp
	50					55					60				

Phe	Ile	Gly	Ile	Gly	Met	Gly	Ser	Pro	Gly	Ala	Val	Asp	Arg	Glu	Asn
65					70					75				80	

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu

290

295

300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 19
 <211> 969
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 19
 atgagtaaga aactccttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatatttg
 60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatacgtt tgataatggt
 120

agccacattg ttcctgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
 180

actgctgaag attttatttg aattggtatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
 240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctatt
 300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgtt attgataatg atgctaattg ggctgcactg
 360

ggtgaacgtt ggggttggtgc tgggtgtaac aatcgggatg ttgtctttgt aacattgggt
 420

acaggtgttg gtggcgggtg tatcgtgat ggtaacttaa ttcattggtg tgccgggtgt
 480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
 540

aacaaggggt gtctggaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtg agcacatcat
 600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagctt
 660

gtgacaagta aagatattct cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
 720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaatagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcattatcgg tgggtggtgtt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtga
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 20
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 20

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

Phe	Gly	Ile	Leu	Thr	Ala	Asp	Gly	Glu	Val	Gln	Glu	Lys	Trp	Ala	Ile
			20					25					30		

Glu	Thr	Asn	Thr	Phe	Asp	Asn	Gly	Ser	His	Ile	Val	Pro	Asp	Ile	Val
		35					40					45			

Glu	Ser	Leu	Lys	His	Arg	Leu	Glu	Leu	Tyr	Gly	Leu	Thr	Ala	Glu	Asp
	50					55					60				

Phe	Ile	Gly	Ile	Gly	Met	Gly	Ser	Pro	Gly	Ala	Val	Asp	Arg	Glu	Asn
65					70					75				80	

Lys	Thr	Val	Thr	Gly	Ala	Phe	Asn	Leu	Asn	Trp	Ala	Glu	Thr	Gln	Glu
				85					90					95	

Val	Gly	Ser	Ile	Ile	Glu	Lys	Glu	Leu	Gly	Ile	Pro	Phe	Ala	Ile	Asp
			100					105					110		

Asn	Asp	Ala	Asn	Val	Ala	Ala	Leu	Gly	Glu	Arg	Trp	Val	Gly	Ala	Gly
		115					120					125			

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Ile Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 21

<211> 969
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 21
atgagtaaga aactcttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatattttg
60
actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatagctt tgaaaaatgg
120
agccacattg ttcttgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
180
actgctgaag atttttattgg aattgggatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
240
aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctggt
300
attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
360
ggtgaacggt gggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttat aacattgggt
420
acaggtgttg gtggcgggtg tatcgctgat ggtaacttaa ttcattggtg tgccgggtgct
480
ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540
aacaaggggt gtctggaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtg agcacatcat
600
ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagttt
660
gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720
gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780
ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgt tctgccgcag gaaaattctt gcgtagtcgt
840
gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtga
900
ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 22
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 22

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

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

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 23
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 23

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Pro Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 24
 <211> 147
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 24
 catagtatcc tcctcatatt tcagtataac ataaactttta ttttttacct atattttact
 60

aaaaaaatag taaaaaatatt gattttccat gtgaaagggg ttatgatttc agtataaaca
 120

aaaagaataa gtgagataca tcctatg
 147

<210> 25
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (275)..(275)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không
 phải là Glu

<400> 25

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

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 26
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (275)..(275)
<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Glu

<400> 26

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 27
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (275)..(275)
<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Glu

<400> 27

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 28
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (275)..(275)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Glu

<400> 28

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Ala
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 29
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (275)..(275)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Glu

<400> 29

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Ala Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 30
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (275)..(275)

<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Glu

<400> 30

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Asn Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

Gly Ile Val Arg Val Thr His His Leu Ala Glu Lys Tyr Glu Gly Asn

```

195                200                205
Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210                215                220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225                230                235                240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245                250                255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260                265                270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275                280                285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290                295                300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305                310                315                320

```

Asp Lys

```

<210> 31
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

```

```

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (275)..(275)
<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không
phải là Glu

```

```

<400> 31

```

```

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

```

```

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile

```


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

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 32
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (275)..(275)
<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Glu

<400> 32

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr

100					105					110					
Asn	Asp	Ala	Asn	Val	Ala	Ala	Leu	Gly	Glu	Arg	Trp	Val	Gly	Ala	Gly
		115					120					125			
Ala	Asn	Ser	Arg	Asp	Val	Val	Phe	Val	Thr	Leu	Gly	Thr	Gly	Val	Gly
	130					135					140				
Gly	Gly	Val	Ile	Ala	Asp	Gly	Asn	Leu	Ile	His	Gly	Val	Ala	Gly	Ala
145					150					155					160
Gly	Gly	Glu	Ile	Gly	His	Ile	Ile	Val	Glu	Pro	Asp	Thr	Gly	Phe	Glu
				165					170					175	
Cys	Thr	Cys	Gly	Asn	Lys	Gly	Cys	Leu	Glu	Thr	Val	Ala	Ser	Ala	Thr
			180					185					190		
Gly	Ile	Val	Arg	Val	Ala	His	His	Leu	Ala	Glu	Lys	Tyr	Glu	Gly	Asn
		195					200					205			
Ser	Ser	Ile	Lys	Ala	Ala	Val	Asp	Asn	Gly	Glu	Leu	Val	Thr	Ser	Lys
	210					215					220				
Asp	Ile	Leu	Val	Ala	Ala	Thr	Glu	Gly	Asp	Lys	Phe	Ala	Asp	Ser	Ile
225					230					235					240
Val	Asp	Lys	Val	Ser	Lys	Tyr	Leu	Gly	Leu	Ala	Ile	Ala	Asn	Ile	Ser
				245					250					255	
Asn	Ile	Leu	Asn	Pro	Asp	Ser	Val	Val	Ile	Gly	Gly	Gly	Val	Ser	Ala
			260					265					270		
Ala	Gly	Xaa	Phe	Leu	Arg	Ser	Arg	Val	Glu	Gly	Tyr	Phe	Thr	Arg	Tyr
		275					280					285			
Ala	Phe	Pro	Gln	Val	Arg	Arg	Thr	Thr	Lys	Val	Lys	Leu	Ala	Glu	Leu
	290					295					300				
Gly	Asn	Asp	Ala	Gly	Ile	Ile	Gly	Ala	Ala	Ser	Leu	Ala	Tyr	Ser	Ile
305					310					315					320

Asp Lys

<210> 34
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (275)..(275)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Glu

<400> 34

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Asp Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Ile Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Ile Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Xaa Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 35
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 35

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

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

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 36
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 36

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Lys Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr

275 280 285
 Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

 Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

 Asp Lys

 <210> 37
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

 <400> 37

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

 Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

 Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

 Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Ala
 50 55 60

 Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

 Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

 Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

 Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

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

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 38

<211> 322

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 38

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Ala Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

Gly Ile Val Arg Val Ala His His Leu Ala Glu Lys Tyr Glu Gly Asn

195 200 205
 Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220
 Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240
 Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255
 Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270
 Ala Gly Lys Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285
 Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300
 Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 39
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 39

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

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Asn Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

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

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 40
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 40

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Asp Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly

115		120		125
Ala Asn Asn Arg Asn Val Val Phe Val Thr Leu Gly Thr Gly Val Gly				
130		135		140
Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala				
145		150		155
Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu				
		165		170
				175
Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr				
		180		185
				190
Gly Ile Val Arg Val Ala His His Leu Ala Glu Lys Tyr Glu Gly Asn				
		195		200
				205
Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys				
		210		215
				220
Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile				
225		230		235
				240
Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser				
		245		250
				255
Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala				
		260		265
				270
Ala Gly Lys Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr				
		275		280
				285
Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu				
		290		295
				300
Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile				
305		310		315
				320
Asp Lys				

<210> 41
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 41

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

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

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 42
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 42

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Asp Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val

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

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

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

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 43
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 43

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Asp Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Ile Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Ile Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

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

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 44

<211> 969

<212> ADN

<213> *Streptococcus thermophilus*

<400> 44

atgagtaaga aactcttagg tattgacctt ggtggaacaa ctgttaagtt tggatatttg
60

actgcagatg gtgaagttca agaaaaatgg gctattgaaa caaatacgtt tgaaaatggt
120

agccacattg ttcttgacat tgtagaatct ttgaaacacc gtttggaatt gtatggactt
180

actgctgaag attttattgg aattgggatg ggatctccag gtgcagttga ccgagaaaat
240

aaaacagtaa cgggtgcctt taacttgaac tgggcagaaa ctcaagaagt tggctctggt
300

attgaaaaag aacttggtat tccattcgct attgataatg atgctaattg ggctgcactg
360

ggtgaacggt ggggttggtgc tggtgctaac aatcggaatg ttgtctttat aacattgggt
420

acaggtgtta gtggcgggtg tatcgctgat ggtaacttaa ttcattgggt tgccgggtgct
480

ggtggggaaa ttggtcacat tattgttgaa cctgacacag gatttgagtg tacttgcgga
540

aacaaggggt gtctggaac tgtagcttca gcaacaggta ttgtacgtg agcacatcat
600

ttggcagaaa aatacgaagg aaactcttct attaaagctg ctgtagacaa tggtagagttt
660

gtgacaagta aagatattat cgtagctgct actgaagggtg ataagtttgc tgacagcatt
720

gttgataaag tctctaaata cctcggactt gcaacagcaa acatctcaaa cattcttaac
780

ccagattctg tcgttatcgg tgggtggtgt tctgccgcag gagaattctt gcgtagtcgt
840

gttgaaggat actttacacg ttatgcattc ccacaagttc gccgtacaac aaaagtga
900

ttagcggagc ttggaaatga tgcaggaatc attggagctg ctagtcttgc ttatagtatt
960

gacaaataa
969

<210> 45
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 45

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 46
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)

<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 46

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

Ala Asn Asn Arg Asn Val Val Phe Ile Thr Leu Gly Thr Gly Val Xaa
130 135 140

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

Gly Ile Val Arg Val Ala His His Leu Ala Glu Lys Tyr Glu Gly Asn

```

195                200                205
Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210                215                220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225                230                235                240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
                245                250                255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
                260                265                270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
                275                280                285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
                290                295                300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305                310                315                320

```

Asp Lys

```

<210> 47
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

```

```

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (144)..(144)
<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không
      phải là Gly

```

```

<400> 47

```

```

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

```

```

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile

```

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

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 48
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 48

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr

275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 49
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 49

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Ala
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp

100	105	110
Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly		
115	120	125
Ala Asn Asn Arg Asn Val Val Phe Ile Thr Leu Gly Thr Gly Val Xaa		
130	135	140
Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala		
145	150	155
Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu		
165	170	175
Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr		
180	185	190
Gly Ile Val Arg Val Ala His His Leu Ala Glu Lys Tyr Glu Gly Asn		
195	200	205
Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys		
210	215	220
Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile		
225	230	235
Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser		
245	250	255
Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala		
260	265	270
Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr		
275	280	285
Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu		
290	295	300
Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile		
305	310	315
		320

Asp Lys

<210> 50
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 50

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

Ala Asn Asn Arg Asn Val Val Phe Ile Thr Leu Gly Thr Gly Val Xaa
 130 135 140

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Ala Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 51

<211> 322

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (144)..(144)

<223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 51

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

Ala Asn Asn Arg Asn Val Val Phe Ile Thr Leu Gly Thr Gly Val Xaa
 130 135 140

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Asn Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr

180 185 190
 Gly Ile Val Arg Val Thr His His Leu Ala Glu Lys Tyr Glu Gly Asn
 195 200 205
 Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220
 Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240
 Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255
 Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270
 Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285
 Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300
 Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 52
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 52

Met Ser Lys Lys Leu Leu Gly Ile Asp Leu Gly Gly Thr Thr Val Lys

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

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 53
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 53

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala

260

265

270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 54
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 54

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Asp Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu

				85					90					95			
Val	Gly	Ser	Val	Ile	Glu	Lys	Glu	Leu	Gly	Ile	Pro	Phe	Ala	Ile	Asp		
			100					105					110				
Asn	Asp	Ala	Asn	Val	Ala	Ala	Leu	Gly	Glu	Arg	Trp	Val	Gly	Ala	Gly		
		115					120					125					
Ala	Asn	Ser	Arg	Asp	Val	Val	Phe	Val	Thr	Leu	Gly	Thr	Gly	Val	Xaa		
	130						135				140						
Gly	Gly	Val	Ile	Ala	Asp	Gly	Asn	Leu	Ile	His	Gly	Val	Ala	Gly	Ala		
145					150					155					160		
Gly	Gly	Glu	Ile	Gly	His	Ile	Ile	Val	Glu	Pro	Asp	Thr	Gly	Phe	Glu		
				165					170					175			
Cys	Thr	Cys	Gly	Asn	Lys	Gly	Cys	Leu	Glu	Thr	Val	Ala	Ser	Ala	Thr		
			180					185					190				
Gly	Ile	Val	Arg	Val	Ala	His	His	Leu	Ala	Glu	Lys	Tyr	Glu	Gly	Asn		
		195					200					205					
Ser	Ser	Ile	Lys	Ala	Ala	Val	Asp	Asn	Gly	Glu	Leu	Val	Thr	Ser	Lys		
	210					215					220						
Asp	Ile	Leu	Val	Ala	Ala	Thr	Glu	Gly	Asp	Lys	Phe	Ala	Asp	Ser	Ile		
225					230					235					240		
Val	Asp	Lys	Val	Ser	Lys	Tyr	Leu	Gly	Leu	Ala	Ile	Ala	Asn	Ile	Ser		
				245					250					255			
Asn	Ile	Leu	Asn	Pro	Asp	Ser	Val	Val	Ile	Gly	Gly	Gly	Val	Ser	Ala		
			260					265					270				
Ala	Gly	Glu	Phe	Leu	Arg	Ser	Arg	Val	Glu	Gly	Tyr	Phe	Thr	Arg	Tyr		
		275					280					285					
Ala	Phe	Pro	Gln	Val	Arg	Arg	Thr	Thr	Lys	Val	Lys	Leu	Ala	Glu	Leu		
	290					295					300						

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 55
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (144)..(144)
 <223> Xaa có thể là axit amin xuất hiện tự nhiên bất kỳ, nhưng không phải là Gly

<400> 55

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Asp Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Ile Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

Ala Asn Asn Arg Asp Val Val Phe Val Thr Leu Gly Thr Gly Val Xaa
 130 135 140

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Ile Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 56

<211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 56

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
305 310 315 320

Asp Lys

<210> 57
<211> 322
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 57

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala

260

265

270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 58
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 58

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Ala
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 59
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 59

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Ala Ala Ser Ala Thr

180

185

190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 60

<211> 322

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 60

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Asn Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 61
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 61

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Asp Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp

100					105					110					
Asn	Asp	Ala	Asn	Val	Ala	Ala	Leu	Gly	Glu	Arg	Trp	Val	Gly	Ala	Gly
		115					120					125			
Ala	Asn	Asn	Arg	Asn	Val	Val	Phe	Val	Thr	Leu	Gly	Thr	Gly	Val	Ser
	130					135					140				
Gly	Gly	Val	Ile	Ala	Asp	Gly	Asn	Leu	Ile	His	Gly	Val	Ala	Gly	Ala
145					150					155					160
Gly	Gly	Glu	Ile	Gly	His	Ile	Ile	Val	Glu	Pro	Asp	Thr	Gly	Phe	Glu
				165					170					175	
Cys	Thr	Cys	Gly	Asn	Lys	Gly	Cys	Leu	Glu	Thr	Val	Ala	Ser	Ala	Thr
			180					185					190		
Gly	Ile	Val	Arg	Val	Ala	His	His	Leu	Ala	Glu	Lys	Tyr	Glu	Gly	Asn
		195					200					205			
Ser	Ser	Ile	Lys	Ala	Ala	Val	Asp	Asn	Gly	Glu	Leu	Val	Thr	Ser	Lys
	210					215					220				
Asp	Ile	Leu	Val	Ala	Ala	Thr	Glu	Gly	Asp	Lys	Phe	Ala	Asp	Ser	Ile
225					230					235					240
Val	Asp	Lys	Val	Ser	Lys	Tyr	Leu	Gly	Leu	Ala	Ile	Ala	Asn	Ile	Ser
				245					250					255	
Asn	Ile	Leu	Asn	Pro	Asp	Ser	Val	Val	Ile	Gly	Gly	Gly	Val	Ser	Ala
			260					265					270		
Ala	Gly	Glu	Phe	Leu	Arg	Ser	Arg	Val	Glu	Gly	Tyr	Phe	Thr	Arg	Tyr
		275					280					285			
Ala	Phe	Pro	Gln	Val	Arg	Arg	Thr	Thr	Lys	Val	Lys	Leu	Ala	Glu	Leu
	290					295					300				
Gly	Asn	Asp	Ala	Gly	Ile	Ile	Gly	Ala	Ala	Ser	Leu	Ala	Tyr	Ser	Ile
305					310					315					320

Asp Lys

<210> 62
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 62

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

Phe Gly Ile Leu Asn Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Gly Thr Asn Thr Phe Glu Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Val Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Val Asp Gly Lys Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Phe Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Ile Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Thr Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 63
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 63

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile

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

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Val Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 64
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 64

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

Phe Gly Ile Leu Thr Ala Asp Gly Glu Val Gln Glu Lys Trp Ala Ile
 20 25 30

Glu Thr Asn Thr Phe Asp Asn Gly Ser His Ile Val Pro Asp Ile Val
 35 40 45

Glu Ser Leu Lys His Arg Leu Glu Leu Tyr Gly Leu Thr Ala Glu Asp
 50 55 60

Phe Ile Gly Ile Gly Met Gly Ser Pro Gly Ala Val Asp Arg Glu Asn
 65 70 75 80

Lys Thr Val Thr Gly Ala Phe Asn Leu Asn Trp Ala Glu Thr Gln Glu
 85 90 95

Val Gly Ser Ile Ile Glu Lys Glu Leu Gly Ile Pro Phe Ala Ile Asp
 100 105 110

Asn Asp Ala Asn Val Ala Ala Leu Gly Glu Arg Trp Val Gly Ala Gly
 115 120 125

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

Gly Gly Val Ile Ala Asp Gly Asn Leu Ile His Gly Val Ala Gly Ala
 145 150 155 160

Gly Gly Glu Ile Gly His Ile Ile Val Glu Pro Asp Thr Gly Phe Glu
 165 170 175

Cys Thr Cys Gly Asn Lys Gly Cys Leu Glu Thr Val Ala Ser Ala Thr
 180 185 190

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

Ser Ser Ile Lys Ala Ala Val Asp Asn Gly Glu Leu Val Thr Ser Lys
 210 215 220

Asp Ile Leu Val Ala Ala Thr Glu Gly Asp Lys Phe Ala Asp Ser Ile
 225 230 235 240

Val Asp Lys Val Ser Lys Tyr Leu Gly Leu Ala Ile Ala Asn Ile Ser
 245 250 255

Asn Ile Leu Asn Pro Asp Ser Val Ile Ile Gly Gly Gly Val Ser Ala
 260 265 270

Ala Gly Glu Phe Leu Arg Ser Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Arg Tyr
 275 280 285

Ala Phe Pro Gln Val Arg Arg Thr Thr Lys Val Lys Leu Ala Glu Leu
 290 295 300

Gly Asn Asp Ala Gly Ile Ile Gly Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Ser Ile
 305 310 315 320

Asp Lys

<210> 65
 <211> 1002
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 65
 atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
 60
 gcaactgttt ctctgtttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaaa
 120
 gtgctcgaag tcattgatcg ttgggattac cgtccaaatg cggttgcgcg tggcttggca
 180
 agtaaaaaaa caactactgt aggagttgtc attccaaata ttgtaaatag ctattttgct
 240
 actctagcta aaggatttga tgacattgca accatgtata agtataatat tgttcttgct
 300
 tccagtgatg ataatgagga tcatgaagtt acagtcattc attctctaatt ttctaaacaa
 360
 gttgatggta ttatttttat gggacaccat ctgacagaaa aaatccgtgc agaattctct
 420
 cgtacccgta caccgattgt tctagcagga acagttgatc tcgaacacca attaccaagt
 480
 gttaacatcg actataaagc tgccgttgag gattgtgtaa cgcaacttgc taaaaataat
 540
 gaaaagggtg cctttgtatc aggaccacta attgatgata ttaatggcaa actacgtttg
 600
 gccgggtata agtctggact tgaaaagaat aatttgagct acaacgaagg acttgtcttt
 660
 gaagctaaat atagctataa agacggcttt gagttagcac aacgtgtctt gaactctggt
 720
 gccactgctg cctatgttgg ggaagatgaa ttggctgcag gtctcttgaa tggcctcttt
 780

gctgcaggca aatcagttcc agaagatttc gaaatcatca caagcaatga ttcaccggtt
840

acaagctaca cacgtccaaa cctttctagt ataaaccatc ctctctatga tttaggggca
900

gttagcatgc gtatgttgac taaaattatg cataaggaag aacttgaaga taaagacgtt
960

attcttaatc atggtctaac tttacgccag tcaacaaaat aa
1002

<210> 66

<211> 1002

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 66

atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctcggtgttg aaatggtaac aaaaacgtaa agaaaaacac ccgaaaaaaaa
120

gtgctcgaag tcattgatcg tttggattac cgtccaaatg cggttgcgcg tggcttgga
180

agtaaaaaaa caactactgt aggagttgtc attccaaata ttgtaaatag ctattttgct
240

actctagcta aagggtattga tgacattgca accatgtata agtataatat tgttcttgct
300

tccagtgatg ataatgagga tcatgaagtt acagtcattc attctctaatt ttctaaacaa
360

gttgatggta ttatttttat gggacaccat ctgacagaaa aaatccgtgc agaattctct
420

cgtacccgta caccgattgt tctagcagga acagttgatc tcgaacacca attaccaagt
480

gttaacatcg actataaagc tgccgttgag gattgtgtaa cgcaacttgc taaaaataat
540

gaaaagggtg cctttgtatc aggaccacta attgatgata ttaatggcaa actacgtttg
600

gctgggtata agtctggact tgaaaagaat aatttgagct acaacgaagg acttgtcttt
660

gaagctaaat atagctataa agacggcttt gatttagcac aacgtgtctt gaactctggt
720

gccactgctg cctatgttgg ggaagatgaa ttggctgcag gtctcttgaa tggcctcttt
780

gctgcaggca aatcagttcc agaagatttc gaaatcatca caagcaatga ttcaccggtt
840

acaagctaca cacgtccaaa cctttctagt ataaaccatc ctctctatga tttaggggca
900

gttagcatgc gtatgttgac taaaattatg cataaggaag aacttgaaga taaagacgtt
960

attcttaatc atggtctaac tttacgccag tcaacaaaat aa
1002

<210> 67

<211> 1002

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 67

atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctcggtgtgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccaaaaaaaaa
120

gtgctcgaag tcattgatcg tttggattac cgtccaaatg cggttgcgcg tggcttgga
180

agtaaaaaaa caactactgt aggagttgtc attccaaata ttgtaaatag ctattttgct
240

actctagcta aaggatttga tgacattgca accatgtata agtataatat tgttcttgc
300

tccagtgatg ataatgagga tcatgaagtt acagtcattc attctctaata ttctaaacaa
360

gttgatggta ttatttttat gggacaccat ctgacagaaa aaatccgtgc agaattctct
420

cgtaccgta caccgattgt tctagcagga acagttgatc tcgaacacca attaccaagt
480

gttaacatcg actataaagc tgccgttgag gattgtgtaa cgcaacttgc taaaaataat
540

gaaaagggtg cctttgtatc aggaccacta attgatgata ttaatggcaa actacgtttg
600

gctgggtata agtctggact tgaaaagaat aatttgagct acaacgaagg acttgtcttt
660

gaagctaaat atagctataa agacggcttt gagttagcac aacgtgtctt gaactctggt
720

gccactgctg cctatgttgg ggaagatgaa ttggctgcag gtctcttgaa tggcctcttt
780

gctgcaggca aatcagttcc agaagatttc gaaatcatca caagcaatga ttcaccggtt
840

acaagctaca cacgtccaaa cttttctagt ataaaccatc ctctctatga tttaggggca
900

gttagcatgc gtatgttgac taaaattatg cataaggaag aacttgaaga taaagacgtt
960

attcttaatc atggtctaac tttacgccag tcaacaaaat aa
1002

<210> 68

<211> 1002

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 68

atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctctgtttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaaa
120

gtgctcgaag tcattgatcg tttggattac cgtccaaatg cggttgcgcg tggcttggca
180

agtaaaaaaa caactactgt aggagttgtc attccaaata ttgtaaatag ctattttgct
240

actctagcta aaggatttga tgacattgca accatgtata agtataatat tgttcttgct
300

tccagtgatg ataatgagga tcatgaagtt acagtcattc attctctaata ttctaaacaa
360

gttgatggta ttatttttat gggacaccat ctgacagaaa aaatccgtgc agaattctct
420

cgtaccgta caccgattgt tctagcagga acagttgatc tcgaacacca aataccaagt
480

gttaacatcg actataaagc tgccgttgag gattgtgtaa cgcaacttgc taaaaataat
540

gaaaagggttg cctttgtatc aggaccacta attgatgata ttaatggcaa actacgtttg
600

gctgggtata agtctggact tgaaaagaat aatttgagct acaacgaagg acttgtcttt
660

gaagctaaat atagctataa agacggcttt gagttagcac aacgtgtctt gaactctggt
720

gccactgctg cctatgttgg ggaagatgaa ttggctgcag gtctcttgaa tggcctcttt
780

gctgcaggca aatcagttcc agaagatttc gaaatcatca caagcaatga ttcaccggtt
840

acaagctaca cacgtccaaa cctttctagt ataaaccatc ctctctatga ttagggggca
900

gttagcatgc gtatgttgac taaaattatg cataaggaag aacttgaaga gaaagacgtt
960

attcttaatc atggtctaac tttacgccag tcaacaaaat aa
1002

<210> 69

<211> 1002

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 69

atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctcgtgttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaaaa
120

gtgctcgaag tcattgatcg tttggattac cgtccaaatg cggttgcgcg tggcttgga
180

agtaaaaaaa caactactgt aggagttgtc attccaaata ttgtaaatag ctattttgct
240

actctagcta aaggatttga tgacattgca accatgtata agtataatat tgttcttgct
300

tccagtgatg ataatgagga tcatgaagtt acagtcattc attctctaatt ttctaataaa
360

gttgatggta ttatttttat gggacaccat ctgacagaaa aaatccgtgc agaattctct
420

cgtacccgta caccgattgt tctagcagga acagttgatc tcgaacacca aataccaagt
480

gttaacatcg actataaagc tgccgttgag gatttgtgtaa cgcaacttgc taaaaataat
540

gaaaagggtg cctttgtatc aggaccacta attgatgata ttaatggcaa actacgtttg
600

gctgggtata agtctggact tgaaaagaat aatttgagct acaacgaagg acttgtcttt
660

gaagctaaat atagctataa agacggcttt gagttagcac aacgtgtctt gaactctggt
720

gccactgctg cctatgttgg ggaagatgaa ttggctgcag gtctcttgaa tggcctcttt
780

gctgcaggca aatcagttcc agaagatttc gaaatcatca caagcaatga ttcaccggtt
840

acaagctaca cacgtccaaa cctttctagt ataaaccatc ctctctatga ttaggggca
900

gttagcatgc gtatgttgac taaaattatg cataaggaag aacttgaaga taaagacgtt
960

attcttaatc atggtctaac tttacgccag tcaacaaaat aa
1002

<210> 70

<211> 1002

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 70

atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctcggtgtgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaaaa
120

gtgctcgaag tcattgatcg tttggattac cgtccaaatg cggttgcgcg tggcttggca
180

agtaaaaaaa caactactgt aggagttgtc attccaaata ttgtaaatag ctattttgct
240

actctagcta aaggtattga tgacattgca accatgtata agtataatat tgttcttgct
300

tccagtgatg ataatgagga tcatgaagtt acagtcattc attctctaatt ttctaataca
360

gttgatggta ttatTTTTat gggacaccat ctgacagaaa aaatccgtgc agaattctct
420

cgtaccgta caccgattgt tctagcagga acagttgatc tcgaacacca attaccaagt
480

gttaacatcg actataaagc tgccgttgag gattgtgtaa tgcaacttgc taaaaataat
540

gaaaagggtg cctttgtatc aggaccacta attgatgata ttaatggcaa actacgtttg
600

gctgggtata agtctggact tgaaaagaat aatttgagct acaacgaagg acttgtcttt
660

gaagctaaat atagctataa agacggcttt gagttagcac aacgtgtctt gaactctggt
720

gccactgctg cctatgttgg ggaagatgaa ttggctgcag gtctcttgaa tggcctcttt
780

gctgcaggca aatcagttcc agaagatttc gaaatcatca caagcaatga ttcaccggtt
840

acaagctaca cacgtccaaa cctttctagt ataaaccatc ctctctatga tttaggggca
900

gttagcatgc gtatgttgac taaaattatg cataaggaag aacttgaaga gaaagacgtt
960

attcttaatc atgggtctaac tttacgccag tcaacaaaat aa
1002

<210> 71

<211> 1001

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 71

atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctctgtttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaag
120

tgctcgaagt cattgatcgt ttggattacc gtccaaatgc ggttgcgcggt ggcttggtgaa
180

gtaaaaaac aactactgta ggagttgtca ttccaaatat tgtaaatagc tattttgcta
240

ctctagctaa aggtattgat gacattgcaa ccatgtataa gtataatatt gttcttgctt
300

ccagtgatga taatgaggat catgaagtta cagtcattca ttctctaatt tctaaacaag
360

ttgatggtat tatttttatg ggacaccatc tgacagaaaa aatccgtgca gaattctctc
420

gtacccgtac accgattggt ctagcaggaa cagttgatct cgaacaccaa ttaccaagtg
480

ttaacatcga ctataaagct gccgttgagg attgtgtaac gcaacttgct aaaaataatg
540

aaaaggttgc ctttgtatca ggaccactaa ttgatgatat taatggcaaa ctacgtttgg
600

ccgggtataa gtctggactt gaaaagaata atttgagcta caacgaagga cttgtctttg
660

aagctaaata tagctataaa gacggctttg agttagcaca acgtgtcttg aactctggtg
720

ccactgctgc ctatgttggg gaagatgaat tggctgcagg tctcttgaat ggcctctttg
780

ctgcaggcaa atcagttcca gaagatttcg aaatcatcac aagcaatgat tcaccggtta
840

caagctacac acgtccaaac ctttctagta taaaccatcc tctctatgat ttaggggcag
900

ttagcatgcg tatgttgact aaaattatgc ataaggaaga acttgaagat aaagacgtta
960

ttcttaatca tggctctaact ttacgccagt caacaaaata a
1001

<210> 72

<211> 1001

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 72

atgaatactg atgaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctcggtgttg aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaag
120

tgctcgaagt cattgatcgt ttggattacc gtccaaatgc gggtgcgcgt ggcttgga
180

gtaaaaaaac aactactgta ggagttgtca ttccaaatat tgtaaatagc tatttttgcta
 240
 ctctagctaa aggtattgat gacattgcaa ccatgtataa gtataatatt gttcttgctt
 300
 ccagtgatga taatgaggat catgaagtta cagtcattca ttctctaatt tctaaacaag
 360
 ttgatggtat tatttttatg ggacaccatc tgacagaaaa aatccgtgca gaattctctc
 420
 gtacccgtac accgattggt ctagcaggaa cagttgatct cgaacaccaa ttaccaagtg
 480
 ttaacatcga ctataaagct gccgttgagg attgtgtaac gcaacttgct aaaaataatg
 540
 aaaaggttgc ctttgtatca ggaccactaa ttgatgatat taatggcaaa ctacgttttg
 600
 ctgggtataa gtctggactt gaaaagaata atttgagcta caacgaagga cttgtctttg
 660
 aagctaaata tagctataaa gacggctttg atttagcaca acgtgtcttg aactctggtg
 720
 ccaactgctgc ctatgttggg gaagatgaat tggctgcagg tctcttgaat ggcctctttg
 780
 ctgcaggcaa atcagttcca gaagatttcg aaatcatcac aagcaatgat tcaccggtta
 840
 caagctacac acgtccaaac ctttctagta taaaccatcc tctctatgat ttaggggcag
 900
 ttagcatgcg tatgttgact aaaattatgc ataaggaaga acttgaagat aaagacgtta
 960
 ttcttaatca tgggtctaact ttacgccagt caacaaaata a
 1001

 <210> 73
 <211> 1001
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

 <400> 73
 atgaatactg atgaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
 60

gcaactgttt ctcgtgttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccaaaaaaag
120
tgctcgaagt cattgatcgt ttggattacc gtccaaatgc ggttgcgcgt ggcttgga
180
gtaaaaaac aactactgta ggagttgtca ttccaaatat tgtaaatagc tattttgcta
240
ctctagctaa aggtattgat gacattgcaa ccatgtataa gtataatatt gttcttgctt
300
ccagtgatga taatgaggat catgaagtta cagtcattca ttctctaatt tctaaacaag
360
ttgatggat tatttttatg ggacaccatc tgacagaaaa aatccgtgca gaattctctc
420
gtaccctac accgattgtt ctagcaggaa cagttgatct cgaacaccaa ttaccaagt
480
ttaacatcga ctataaagct gccgttgagg attgtgtaac gcaacttgct aaaaataatg
540
aaaaggttgc ctttgtatca ggaccactaa ttgatgatat taatggcaaa ctacgtttgg
600
ctgggtataa gtctggactt gaaaagaata atttgagcta caacgaagga cttgtctttg
660
aagctaaata tagctataaa gacggctttg agttagcaca acgtgtcttg aactctggtg
720
ccactgctgc ctatgttggg gaagatgaat tggctgcagg tctcttgaat ggcctctttg
780
ctgcaggcaa atcagttcca gaagatttcg aaatcatcac aagcaatgat tcaccgggta
840
caagctacac acgtccaaac ctttctagta taaaccatcc tctctatgat ttaggggcag
900
ttagcatgcg tatgttgact aaaattatgc ataaggaaga acttgaagat aaagacgtta
960
ttcttaatca tggcttaact ttacgccagt caacaaaata a
1001

<210> 74
<211> 1001
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 74

atgaatactg atgaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctcgtgttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaag
120

tgctcgaagt cattgatcgt ttggattacc gtccaaatgc ggttgccgct ggcttgcaa
180

gtaaaaaac aactactgta ggagttgtca ttccaaatat tgtaaatagc tattttgcta
240

ctctagctaa aggtattgat gacattgcaa ccatgtataa gtataatatt gttcttgctt
300

ccagtgatga taatgaggat catgaagtta cagtcattca ttctctaatt tctaaacaag
360

ttgatggat tatttttatg ggacaccatc tgacagaaaa aatccgtgca gaattctctc
420

gtacccgtac accgattggt ctagcaggaa cagttgatct cgaacaccaa ataccaagtg
480

ttaacatcga ctataaagct gccgttgagg attgtgtaac gcaacttgct aaaaataatg
540

aaaaggttgc ctttgtatca ggaccactaa ttgatgatat taatggcaaa ctacgtttgg
600

ctgggtataa gtctggactt gaaaagaata atttgagcta caacgaagga cttgtctttg
660

aagctaaata tagctataaa gacggctttg agttagcaca acgtgtcttg aactctgggt
720

ccactgctgc ctatgttggg gaagatgaat tggctgcagg tctcttgaat ggctctttg
780

ctgcaggcaa atcagttcca gaagatttcg aaatcatcac aagcaatgat tcaccggtta
840

caagctacac acgtccaaac ctttctagta taaaccatcc tctctatgat ttaggggcag
900

ttagcatgcg tatgttgact aaaattatgc ataaggaaga acttgaagag aaagacgtta
960

ttcttaatca tggcttaact ttacgccagt caacaaaata a
1001

<210> 75

<211> 1001

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 75

atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctctgtttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaag
120

tgctcgaagt cattgatcgt ttggattacc gtccaaatgc ggttgcgcgt ggcttggcaa
180

gtaaaaaac aactactgta ggagttgtca ttccaaatat tgtaaatagc tattttgcta
240

ctctagctaa aggtattgat gacattgcaa ccatgtataa gtataatatt gttcttgctt
300

ccagtgatga taatgaggat catgaagtta cagtcattca ttctctaatt tctaaacaag
360

ttgatggat tatttttatg ggacaccatc tgacagaaaa aatccgtgca gaattctctc
420

gtacccgtac accgattggt ctagcaggaa cagttgatct cgaacaccaa ataccaagtg
480

ttaacatcga ctataaagct gccgttgagg attgtgtaac gcaacttgct aaaaataatg
540

aaaaggttgc ctttgtatca ggaccactaa ttgatgatat taatggcaaa ctacgtttgg
600

ctgggtataa gtctggactt gaaaagaata atttgagcta caacgaagga cttgtctttg
660

aagctaaata tagctataaa gacggctttg agttagcaca acgtgtcttg aactctgggtg
720

ccactgctgc ctatgttggg gaagatgaat tggtgcagg tctcttgaat ggcctctttg
780

ctgcaggcaa atcagttcca gaagatttcg aaatcatcac aagcaatgat tcaccggtta
840

caagctacac acgtccaaac ctttctagta taaaccatcc tctctatgat ttaggggcag
900

ttagcatgcy tatgttgact aaaattatgc ataaggaaga acttgaagat aaagacgtta
960

ttcttaatca tggctaaact ttacgccagt caacaaaata a
1001

<210> 76
<211> 1001
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 76
atgaatactg atgaaacaat cacaatttat gatgtagcgc gtgaagctgg agtatcgatg
60

gcaactgttt ctctgtttgt aaatggtaac aaaaacgtaa aagaaaacac ccgaaaaaag
120

tgctcgaagt cattgatcgt ttggattacc gtccaaatgc ggttgcgctg ggcttggcaa
180

gtaaaaaac aactactgta ggagttgtca ttccaaatat tgtaaatagc tattttgcta
240

ctctagctaa aggtattgat gacattgcaa ccatgtataa gtataatatt gttcttgctt
300

ccagtgatga taatgaggat catgaagtta cagtcattca ttctctaatt tctaaacaag
360

ttgatggat tatttttatg ggacaccatc tgacagaaaa aatccgtgca gaattctctc
420

gtacccgtac accgattggt ctagcaggaa cagttgatct cgaacaccaa ttaccaagtg
480

ttaacatcga ctataaagct gccgttgagg attgtgtaat gcaacttgct aaaaataatg
540

aaaagggtgc ctttgtatca ggaccactaa ttgatgatat taatggcaaa ctacgttttg
600

ctgggtataa gtctggactt gaaaagaata atttgagcta caacgaagga cttgtctttg
660

aagctaaata tagctataaa gacggctttg agttagcaca acgtgtcttg aactctggtg
720

ccactgctgc ctatgttggg gaagatgaat tggctgcagg tctcttgaat ggcctctttg
780

ctgcaggcaa atcagttcca gaagatttcg aaatcatcac aagcaatgat tcaccgggta
840

caagctacac acgtccaaac ctttctagta taaaccatcc tctctatgat ttaggggcag
900

ttagcatgcg tatgttgact aaaattatgc ataaggaaga acttgaagag aaagacgtta
960

ttcttaatca tgggtctaact ttacgccagt caacaaaata a
1001

<210> 77
<211> 3231
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 77
gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgtttt ccatcttgaa
60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
180

gttaatactg ttgatgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caagggtttg gttctccaca atatgtgaat
420

acccaatatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatacgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaactc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttatt ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttggttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cggtacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtctttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggctt atgcgaacct
1380

tcattggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgtag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtgattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttacia aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttaa cgaagatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtggt ctgagggag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcagtaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gataactcaa ttcaaactga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg attacaagg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaagagaca
2880

tttgctccat atctaagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tggctctaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgttttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

acatggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 78

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 78

Met	Asn	Met	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Arg	Gln	Ser	Leu
		35					40					45			

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75					80

Asn	Val	Pro	Gly	His	Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro	Gln	Tyr
				85					90					95	

Val	Asn	Thr	Gln	Tyr	Pro	Trp	Asp	Gly	Lys	Glu	Phe	Leu	Arg	Pro	Pro
			100					105					110		

Gln	Val	Pro	Gln	Glu	Ser	Asn	Ala	Val	Ala	Ser	Tyr	Val	Lys	His	Phe
		115					120					125			

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr

340 345 350
 Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365
 Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380
 Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400
 Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415
 Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430
 Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445
 Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460
 Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480
 Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495
 Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510
 Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
 515 520 525
 Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540
 Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
 545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
 580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
 595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
 610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
 625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
 645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
 660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
 675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
 690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
 705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
 725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
 740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
 755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro

770	775	780
Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly		
785	790	795 800
Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys		
	805	810 815
Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr		
	820	825 830
Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr		
	835	840 845
Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp		
	850	855 860
Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala		
	865	870 875 880
Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu		
	885	890 895
Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu		
	900	905 910
Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser		
	915	920 925
Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His		
	930	935 940
Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala		
	945	950 955 960
Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu		
	965	970 975
Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met		
	980	985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 79
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 79
 gatgacacag tacttggtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgtttt ccatcttgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgatgtca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
 240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgtctcag
 300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caagggtttg gttctccaca atatgtgaat
 420

accaaatatc cttgggatgg taaagaattc ctctgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
 480

aatgctgttg catcatacgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
 540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
 600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
 660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctggttgga
 720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttggttaag ggagattatg attaccaaac aaaaacaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactggtggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

atcttttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacggtg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggctt atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcttg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgtag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttaa cgaagatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtggt ctgagggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggctctaa acttagcttc actcgtgctt acactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaatega agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tggcttagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt taaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgccatcttt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgttttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tgggtgacgac
3120

acatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 80
<211> 1026
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 80

Met	Asn	Met	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Arg	Gln	Ser	Leu
		35					40					45			

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75				80	

Asn	Val	Pro	Gly	His	Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro	Gln	Tyr
				85					90					95	

Val	Asn	Thr	Gln	Tyr	Pro	Trp	Asp	Gly	Lys	Glu	Phe	Leu	Arg	Pro	Pro
			100					105					110		

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
 115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Thr Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys

129

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr

131

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 81
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 81
 gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcctt ccattcttgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgatgctca ctcatgatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
 240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
 300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
 420

acccaatatc ctgggatgg taaagaattc ctctgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
 480

aatgctggtg catcatcagt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
 540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
 600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacgggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgtaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtctttaaag gggttaacag acacgaatct aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgaatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttgggtct atgcgaacct
1380

tcattggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgctgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgtag tgataaacac ttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcattg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatgggtgg
1920

gactggcatg atagaccttc tgactatgaa ttttgtggaa atgggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttaa cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaa
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttgtgtt ctgagggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggatcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatgtt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tggattgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtgg
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aaggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gataactcaa ttcaaatacga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcca
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tggcttagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tggctctaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgcctttgc gcaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

tcattggggtt ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 82

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 82

Met	Asn	Met	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Arg	Gln	Ser	Leu
		35					40					45			

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75					80

Asn	Val	Pro	Gly	His	Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro	Gln	Tyr
				85					90					95	

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
 100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
 115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
 545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
 580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
 595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
 610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
 625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
 645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
 660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
 675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
 690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
 705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
 725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Ile Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
945 950 955 960

140

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctggt tatcggttact ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttggttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactggttgg gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacaatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtctttaaag gggttaacag acacgaattt aatgctagaa caggacggtg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtggttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattatt tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgctcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagagttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaatcct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

gaactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatgggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtattgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatgtct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttaa cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagtttaact ttgtagtcga gtcttcaa
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtgtt ctgagggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggatcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc aaaaataact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttaacttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aaggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaatacga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

tcattgggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 84

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 84

Met	Asn	Thr	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

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

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75					80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asn Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Arg Val Ser Asp Lys His
515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Asn Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Glu Leu
545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Val Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ser Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
 725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
 740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
 755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
 770 775 780

Lys Leu Asn Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
 785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
 805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
 820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
 835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
 850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
 865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Ser Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 85
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 85
 gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcctt ccattctgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatttatga acacgactga aaaaattcaa acttacttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgacgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttgc agaattttct
 240

gagggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
 300

aatacaaatc aggttttaaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
 420

accagttatc cttgggatgg taaagaattc cttcgccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatcgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaacttc
600

gtaggatata gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctgggttgaa
720

gaccaagact tctggagact ttacgggtatt ttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttggttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacaatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggttga gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtcttttaaag gggttaacag acacgaattt aatgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcattggaata tcccagctag tgaaccagaa tgggtgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtggtatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattatt tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagagttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtgattg
1800

gaactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atgggtattgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatgtct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaaaatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttgtgtt ctgagggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtc
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgtgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttaacttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aaggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gataactcaaa ttcaaatacga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgctctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tcaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatac acaagaatct ggtaatacact atgggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tgggtgacgac
3120

tcattgggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 86
<211> 1026
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 86

Met	Asn	Thr	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

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

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

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

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asn Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr

485	490	495
Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr 500 505 510		
Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Arg Val Ser Asp Lys His 515 520 525		
Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser 530 535 540		
Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Glu Leu 545 550 555 560		
Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp 565 570 575		
Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu 580 585 590		
Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu 595 600 605		
Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys 610 615 620		
Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp 625 630 635 640		
Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Val Phe Glu Asp Leu Ser 645 650 655		
Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asn Gly Arg Lys Val Ser 660 665 670		
Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe 675 680 685		
Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu 690 695 700		

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Asn Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
900 905 910

Thr Ser Val Gln Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser

915 920 925
 Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

 Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

 Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

 Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

 Gly Val Gly Gly Asp Asp Ser Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

 Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

 Pro Leu Asn
 1025

 <210> 87
 <211> 3232
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

 <400> 87
 gatgacacag tacttggtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcctt ccatcttgaa
 60

 caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg totgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

 taatttatga acacgactga aaaaattcaa acttacttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

 gttaatactg ttgacgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttgc agaattttct
 240

 gagggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
 300

 aatacaaadc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
420

accagtatc cttgggatgg taaagaattc cttcgccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatcgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgtaaag ggagattatg attaccaaac aaaaacaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggttga gacgcttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

atctttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttgggtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttggttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggctctg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggg
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atgggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagttga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtggt ctgagggaag caactaaatg ggctcctaaa
2280

ggcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggggac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggctcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggg
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaactga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatagcc acaagaatct ggtaataact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

tcatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atcctagttg ta
3232

<210> 88

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 88

Met	Asn	Thr	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

Ser Leu Ala Glu Phe Ser Glu Gly Glu Met Lys Leu Arg Gln Ser Leu

35	40	45
Asn Gly Lys Trp Lys Ile His Tyr Ala Gln Asn Thr Asn Gln Val Leu		
50	55	60
Lys Asp Phe Tyr Lys Thr Glu Phe Asp Glu Thr Asp Leu Asn Phe Ile		
65	70	75
Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr		
	85	90
Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro		
	100	105
Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe		
	115	120
Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln		
	130	135
Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly		
145	150	155
Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr		
	165	170
Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser		
	180	185
Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile		
	195	200
Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp		
	210	215
Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Thr Gly Gln Leu		
225	230	235
Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys		
	245	250
		255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
325 330 335

Arg Ile Ile Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro

162

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Lys Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu

900 905 910
 Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925
 Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940
 Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960
 Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975
 Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990
 Gly Val Gly Gly Asp Asp Ser Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005
 Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020
 Pro Leu Asn
 1025

<210> 89
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 89
 gatgacacag tacttggtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgtctt ccattcttgaa
 60

caagaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatttatga acacgactga aaaaattcaa acttacttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgacgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttgc agaattttct
 240

gagggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggttttaaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
420

accagtatc cttgggatgg taaagaattc cttcgccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatcgt taaacatttt accttgaatg atgcattaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cggtacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacaatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggttga gacgcttga aattaaagat agacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtctttaaag gggttaacag acacgaattt aatgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttgggtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtggttatca tttgggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattatt tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagagttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

gaactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttacaa aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtattgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatgtct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaagatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtoga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttgtggt ctgaggggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtc
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaagggtgac ttcaacatcg gtattcaagg aaaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttaacttc actcgtgctt acactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggatgg aaggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaactga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tgggtgacgac
3120

tcatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 90

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 90

Met	Asn	Thr	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val Ser Val Asn Thr Val Asp Ala His Ser Asp His Lys Tyr Phe Glu
20 25 30

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

Asn Gly Lys Trp Lys Ile His Tyr Ala Gln Asn Thr Asn Gln Val Leu
50 55 60

Lys Asp Phe Tyr Lys Thr Glu Phe Asp Glu Thr Asp Leu Asn Phe Ile
65 70 75 80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asn Leu Ile Leu His
290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Arg Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Arg Val Ser Asp Lys His
515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Glu Leu
545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Val Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Asn Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Ser Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 91
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 91
 gatgacacag tacttggtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgtttt ccatcttgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgatgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggttttaaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
420

acccaatatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatcagt taaacatttt accttgaatg atgcattaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact tcacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgtttaag ggagattatg attaccaaac aaaatcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgaa gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttgattca gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtctttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aagcaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcattgaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttataa aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttgtgtt ctgaggggaag caactaaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatgtt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgtgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt acactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaactga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaagcc acaagaatct ggtaatcact atgggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

acatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 92

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 92

Met Asn Met Thr Glu Lys Ile Gln Thr Tyr Leu Asn Asp Pro Lys Ile
1 5 10 15

Val Ser Val Asn Thr Val Asp Ala His Ser Asp His Lys Tyr Phe Glu
20 25 30

Ser Leu Glu Glu Phe Ser Glu Gly Glu Met Lys Leu Arg Gln Ser Leu
35 40 45

Asn Gly Lys Trp Lys Ile His Tyr Ala Gln Asn Thr Asn Gln Val Leu
50 55 60

Lys Asp Phe Tyr Lys Thr Glu Phe Asp Glu Thr Asp Leu Asn Phe Ile
65 70 75 80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu His Gly Ile
195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ser Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Glu Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
 515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
 545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
 580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
 595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
 610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
 625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
 645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Lys Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
1010 1015 1020

Pro Leu Asn
1025

<210> 93
<211> 3231
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 93
gatgacacag tacttggtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgtttt ccatcttgaa
60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
180

gttaatactg ttgacgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttgc agaattttct
240

gagggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
420

accagtatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatcgt taaacatttt accttgaatg atgcattaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctggttgaa
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgtttaag ggagattatg attaccaaac aaaaacaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggg gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cggtacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggaattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

atcttttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcattggaata tcccagctag tgaaccagaa tgggtgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtggttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tggtaggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttacaa aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatgggtgg
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atgggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa tttaacgaagt tgcttgtggt ctgagggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgtgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt acactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaatacga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg attacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggctgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatagcc acaagaatct ggtaatcact atgggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgctttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

acatggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 94
<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 94

Met Asn Met Thr Glu Lys Ile Gln Thr Tyr Leu Asn Asp Pro Lys Ile
 1 5 10 15

Val Ser Val Asn Thr Val Asp Ala His Ser Asp His Lys Tyr Phe Glu
 20 25 30

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

Asn Gly Lys Trp Lys Ile His Tyr Ala Gln Asn Thr Asn Gln Val Leu
 50 55 60

Lys Asp Phe Tyr Lys Thr Glu Phe Asp Glu Thr Asp Leu Asn Phe Ile
 65 70 75 80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
 85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
 100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
 115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile

195	200	205
Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp 210 215 220		
Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Thr Gly Gln Leu 225 230 235 240		
Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys 245 250 255		
Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser 260 265 270		
Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile 275 280 285		
Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His 290 295 300		
Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly 305 310 315 320		
Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys 325 330 335		
Arg Ile Ile Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr 340 345 350		
Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met 355 360 365		
Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln 370 375 380		
Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp 385 390 395 400		
Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys 405 410 415		

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
 515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
 545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
 580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
 595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
 610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp

625		630		635		640
Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser						
	645			650		655
Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser						
	660			665		670
Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe						
	675			680		685
Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu						
	690			695		700
Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His						
705		710		715		720
Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr						
	725			730		735
Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly						
	740			745		750
Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr						
	755			760		765
Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro						
	770			775		780
Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly						
785		790		795		800
Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys						
	805			810		815
Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr						
	820			825		830
Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr						
	835			840		845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
 850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
 865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 95

<211> 3231

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 95

gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcttt ccatcttgaa
60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
180

gttaatactg ttgatgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
420

acccaatatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatacgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtattttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctggt tatcggtact ctacagcaag ctgggttgaa
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgtttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaagg tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttgatttta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtcttttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata atatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcattggaata tcccagctag taaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtggttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattatt tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tggtaggattg
1800

gaactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttacaa aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtattgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatgtct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttha cgaagatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagtttaact ttgtagtcga ggcttcaa
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtgtt ctgaggggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatgtt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtc
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaagggtgac ttcaacatcg gtattcaagg aaaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc aaaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgtgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttaacttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggatgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaactga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

tactgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatacc acaagaatct ggtaatacact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgttttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

tcattgggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 96
 <211> 1026
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 96

Met Asn Met Thr Glu Lys Ile Gln Thr Tyr Leu Asn Asp Pro Lys Ile
 1 5 10 15

Val Ser Val Asn Thr Val Asp Ala His Ser Asp His Lys Tyr Phe Glu
 20 25 30

Ser Leu Glu Glu Phe Ser Glu Gly Glu Met Lys Leu Arg Gln Ser Leu
 35 40 45

Asn Gly Lys Trp Lys Ile His Tyr Ala Gln Asn Thr Asn Gln Val Leu
 50 55 60

Lys Asp Phe Tyr Lys Thr Glu Phe Asp Glu Thr Asp Leu Asn Phe Ile
 65 70 75 80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
 85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
 100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
 115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser

180

185

190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Gly Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Lys Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
 515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Glu Leu
 545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
 580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
 595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys

195

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
 835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
 850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
 865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895

Glu Ser Tyr Cys Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Ser Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 97

<211> 3231

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 97

gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcttt ccatcttgaa
60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgtagc
180

gttaatactg ttgatgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
420

acccaatatc cttgggatgg taaagaattc ctctgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatacgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtattttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaactc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctggt tatcggtact ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttggttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactggtggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggaattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtcttttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggatg gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttgggtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtggttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgctcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt ttatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tggtaggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttacaa aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atgggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaagatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaa
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttgtgtt ctgagggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aaggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaactga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg attacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaatto
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

acatggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 98
<211> 1026
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 98

Met Asn Met Thr Glu Lys Ile Gln Thr Tyr Leu Asn Asp Pro Lys Ile
1 5 10 15

Val Ser Val Asn Thr Val Asp Ala His Ser Asp His Lys Tyr Phe Glu
20 25 30

Ser Leu Glu Glu Phe Ser Glu Gly Glu Met Lys Leu Arg Gln Ser Leu
35 40 45

Asn Gly Lys Trp Lys Ile His Tyr Ala Gln Asn Thr Asn Gln Val Leu
50 55 60

Lys Asp Phe Tyr Lys Thr Glu Phe Asp Glu Thr Asp Leu Asn Phe Ile
65 70 75 80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400
 Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415
 Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430
 Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445
 Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460
 Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480
 Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495
 Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510
 Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
 515 520 525
 Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Phe Ile Ser
 530 535 540
 Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
 545 550 555 560
 Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575
 Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
 580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
1010 1015 1020

Pro Leu Asn
1025

<210> 99
<211> 3231
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 99
gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcctt ccatcttgaa
60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
180

gttaatactg ttgatgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caagggtttg gttctccaca atatgtgaat
420

acccaatatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatacgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaactc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctggt tatcggtatt ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttggttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactggtggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggaattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtctttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatgtt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggctt atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcttg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgctcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tggtggaattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttacaa aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagtta cgaagatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaa
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttggtgt ctgagggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcattgaaa ttgttcgtgg tcaatatgtt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgtgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaatcga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgctctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg attacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tggcttagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt taaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcacctcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgctttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

acatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 100

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 100

Met	Asn	Met	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Arg	Gln	Ser	Leu
		35					40					45			

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75				80	

Asn	Val	Pro	Gly	His	Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro	Gln	Tyr
				85					90					95	

Val	Asn	Thr	Gln	Tyr	Pro	Trp	Asp	Gly	Lys	Glu	Phe	Leu	Arg	Pro	Pro
			100					105					110		

Gln	Val	Pro	Gln	Glu	Ser	Asn	Ala	Val	Ala	Ser	Tyr	Val	Lys	His	Phe
		115					120					125			

Thr	Leu	Asn	Asp	Ala	Leu	Lys	Asp	Lys	Lys	Val	Phe	Ile	Ser	Phe	Gln
	130					135					140				

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
 515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
 545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ser Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
1010 1015 1020

Pro Leu Asn
1025

<210> 101
<211> 3231
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 101
gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgc ttt ccatcttgaa
60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
120

taatttatga acacgactga aaaaattcaa acttacttaa acgatccaaa gattgttagc
180

gttaatactg ttgacgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttgc agaattttct
240

gagggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caagggtttg gttctccaca atatgtgaat
420

acccaatatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatacgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctggt tatcggttatt ctacagcaag ctgggttgaa
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatgtt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggtttta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtcttttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatgtt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aactttgtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tgggtgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtggtatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgtag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctattttacaa aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggg
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atgggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattggt
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttaa cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaa
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtgtt ctgaggggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcattgaaa ttgttcgtgg tcaatatgtt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggg
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gataactcaaa ttcaaatcga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg attacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt taaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaagagaca
2880

tttgctccat atctaagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tggctcttaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgctttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

acatggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 102

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 102

Met	Asn	Thr	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

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

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75				80	

Asn	Val	Pro	Gly	His	Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro	Gln	Tyr
				85					90					95	

Val	Asn	Thr	Gln	Tyr	Pro	Trp	Asp	Gly	Lys	Glu	Phe	Leu	Arg	Pro	Pro
			100					105					110		

Gln	Val	Pro	Gln	Glu	Ser	Asn	Ala	Val	Ala	Ser	Tyr	Val	Lys	His	Phe
		115					120						125		

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr

340	345	350
Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met 355 360 365		
Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln 370 375 380		
Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp 385 390 395 400		
Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Cys Leu Cys 405 410 415		
Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala 420 425 430		
Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala 435 440 445		
Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp 450 455 460		
Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro 465 470 475 480		
Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr 485 490 495		
Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr 500 505 510		
Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His 515 520 525		
Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser 530 535 540		
Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu 545 550 555 560		

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro

770

775

780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
 785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
 805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
 820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
 835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
 850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
 865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 103
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 103
 gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcctt ccatcttgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatttatga acacgactga aaaaattcaa acttacttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgacgctca ctcagatcat aagtatcttg aatctcttgc agaattttct
 240

gagggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaaat ggaaaattca ctatgctcag
 300

aatacaaatac aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
 420

accagtatc cttgggatgg taaagaattc ctctgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
 480

aatgctgttg catcatagct taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
 540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
 600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
 660

gaagggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcggttact ctacagcaag ctggttgga
 720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgттааg ggagattatg attaccaaаc aaaagcaggт
840

caattggata ttgatttgaa gactgттgгt gattatgaag аcaаgaаgat taaatatgтт
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgtтаatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactт
1020

tacaatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gттgгattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc tттtgaaтgg тааgаgаatt
1140

gtctttaаag gggttaacag acacgaattt aatgctagaa caggacгttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc тgттсgтact
1260

tcacactatc ctaaccaaаc acgттgгtat gaattgtgtg atgaatatgg actттatgтт
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttgгtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa тggттgсctg cттgттtgga tcgtgccaat
1440

aacatgттcc aacgcgataa gaaccacgct agtgттatca tттgгtcttg тgгтаatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattatt tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg тgттgсatgg тgtсgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac тgгтаaaacta
1680

gттgatcttt caagagttag tgataaacac tттgсттcag gтаacctaac тааcaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gтаactctgg тgгtgгattg
1800

gaactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtattgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatgtct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagtta cgaaaatggt agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaa
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtgtt ctgaggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatgtt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtc
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaagggtgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgtgaa
2460

ttcattgaga aaggctcctaa acttaacttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggt
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggatgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gatactcaaa ttcaaactga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tggctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaactt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttctctg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaagcc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tggctcttaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgctttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

tcatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 104

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 104

Met Asn Thr Thr Glu Lys Ile Gln Thr Tyr Leu Asn Asp Pro Lys Ile
1 5 10 15

Val Ser Val Asn Thr Val Asp Ala His Ser Asp His Lys Tyr Phe Glu
20 25 30

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

Asn Gly Lys Trp Lys Ile His Tyr Ala Gln Asn Thr Asn Gln Val Leu
50 55 60

Lys Asp Phe Tyr Lys Thr Glu Phe Asp Glu Thr Asp Leu Asn Phe Ile
65 70 75 80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
 115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asn Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys

325

330

335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Arg Val Ser Asp Lys His
 515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Glu Leu
545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Val Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asn Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr

755

760

765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
 770 775 780

Lys Leu Asn Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
 785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
 805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
 820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
 835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
 850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
 865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Ser Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 105
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 105
 gatgacacag tacttgtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgcctt ccatcttgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatttatga acacgactga aaaaattcaa acttacttaa acgatccaaa gattgtagc
 180

gttaatactg ttgacgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttgc agaattttct
 240

gagggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
 300

aatacaaatc aggtttttaa aaacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
 420

accagtatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
 480

aatgctgttg catcatatcg taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
 540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggttaacttc
 600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctggt tatcggtact ctacagcaag ctggttgga
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgттагг ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacaatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggattta gacgcttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtctttaaag gggttaacag acacgaattt aatgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattatt tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagagttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

gaactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggg
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtattgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatgtct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttaa cgaaaatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaa
2220

tctgaacaaa tttacgaagt tgcttgtgtt ctgaggggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatgtt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttaacttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggg
2520

gctggatata cattcgaaat ggcaggctgg aaggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gataactcaa ttcaaatcga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcca
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg actacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tcaaaagaca
2880

tttgctccat atctaagtc acaagaatct ggtaatcact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tggctcttaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tgggtgacgac
3120

tcatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 106

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 106

Met	Asn	Thr	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

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

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asn	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75					80

Asn	Val	Pro	Gly	His	Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro	Gln	Tyr
				85					90					95	

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
 100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
 115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
 130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
 145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
 165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
 180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
 195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
 210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
 225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
 245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
 260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asn Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
485 490 495

Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Arg Val Ser Asp Lys His
515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
 530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Glu Leu
 545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
 565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
 580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
 595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
 610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
 625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Val Phe Glu Asp Leu Ser
 645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asn Gly Arg Lys Val Ser
 660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
 675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
 690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
 705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
 725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
 740 745 750
 Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
 755 760 765
 Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
 770 775 780
 Lys Leu Asn Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
 785 790 795 800
 Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
 805 810 815
 Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
 820 825 830
 Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
 835 840 845
 Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
 850 855 860
 Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
 865 870 875 880
 Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895
 Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910
 Thr Ser Val Gln Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925
 Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940
 Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Ser Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 107
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 107
 gatgacacag tacttggtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgtttt ccatcttgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgatgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
 240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
 300

aatacaaatc aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
 420

accaatatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
 480

aatgctgttg catcatcgt taaacatttt accttgaatg atgcattaa agataaaaaa
 540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctggt tatcggtact ctacagcaag ctggttggaa
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgттааg ggagattatg attaccaaаc aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatgg tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggattca gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtcttttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacggtg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aagcaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaаc acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcatggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgттtgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa tttgtggaa atggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttgtggt ctgaggggaag caactgaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggg
2520

gctggatata cattcgaaat ggcaggctgg aaggttgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gataactcaa ttcaaacga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg attacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tggctctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaagtc acaagaatct ggtaatcact atgggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaaa ttcaccgcac ttaataaagt attcgaattc
3000

agtgccttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tgggtgacgac
3120

acatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 108

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 108

Met	Asn	Met	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Arg	Gln	Ser	Leu
		35					40					45			

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
	50					55					60				

Lys	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile
65					70					75					80

Asn Val Pro Gly His Leu Glu Leu Gln Gly Phe Gly Ser Pro Gln Tyr
85 90 95

Val Asn Thr Gln Tyr Pro Trp Asp Gly Lys Glu Phe Leu Arg Pro Pro
100 105 110

Gln Val Pro Gln Glu Ser Asn Ala Val Ala Ser Tyr Val Lys His Phe
115 120 125

Thr Leu Asn Asp Ala Leu Lys Asp Lys Lys Val Phe Ile Ser Phe Gln
130 135 140

Gly Val Ala Thr Ser Ile Phe Val Trp Val Asn Gly Asn Phe Val Gly
145 150 155 160

Tyr Ser Glu Asp Ser Phe Thr Pro Ser Glu Phe Glu Ile Ser Asp Tyr
165 170 175

Leu Val Glu Gly Asp Asn Lys Leu Ala Val Ala Val Tyr Arg Tyr Ser
180 185 190

Thr Ala Ser Trp Leu Glu Asp Gln Asp Phe Trp Arg Leu Tyr Gly Ile
195 200 205

Phe Arg Asp Val Tyr Leu Tyr Ala Ile Pro Lys Val His Val Gln Asp
210 215 220

Leu Phe Val Lys Gly Asp Tyr Asp Tyr Gln Thr Lys Ala Gly Gln Leu
225 230 235 240

Asp Ile Asp Leu Lys Thr Val Gly Asp Tyr Glu Asp Lys Lys Ile Lys
245 250 255

Tyr Val Leu Ser Asp Tyr Glu Gly Ile Val Thr Glu Gly Asp Ala Ser
260 265 270

Val Asn Gly Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300
 Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320
 Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335
 Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350
 Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365
 Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380
 Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400
 Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415
 Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430
 Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445
 Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460
 Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480
 Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr
 485 490 495
 Asp Ile Glu Ser Arg Met Tyr Ala Lys Pro Ala Asp Ile Glu Glu Tyr
 500 505 510

Leu Thr Thr Gly Lys Leu Val Asp Leu Ser Ser Val Ser Asp Lys His
515 520 525

Phe Ala Ser Gly Asn Leu Thr Asn Lys Pro Gln Lys Pro Tyr Ile Ser
530 535 540

Cys Glu Tyr Met His Thr Met Gly Asn Ser Gly Gly Gly Leu Gln Leu
545 550 555 560

Tyr Thr Asp Leu Glu Lys Tyr Pro Glu Tyr Gln Gly Gly Phe Ile Trp
565 570 575

Asp Phe Ile Asp Gln Ala Ile Tyr Lys Thr Leu Pro Asn Gly Ser Glu
580 585 590

Phe Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Trp His Asp Arg Pro Ser Asp Tyr Glu
595 600 605

Phe Cys Gly Asn Gly Ile Val Phe Ala Asp Arg Thr Leu Thr Pro Lys
610 615 620

Leu Gln Thr Val Lys His Leu Tyr Ser Asn Ile Lys Ile Ala Val Asp
625 630 635 640

Glu Lys Ser Val Thr Ile Lys Asn Asp Asn Leu Phe Glu Asp Leu Ser
645 650 655

Ala Tyr Thr Phe Leu Ala Arg Val Tyr Glu Asp Gly Arg Lys Val Ser
660 665 670

Glu Ser Glu Tyr His Phe Asp Val Lys Pro Gly Glu Glu Ala Thr Phe
675 680 685

Pro Val Asn Phe Val Val Glu Ala Ser Asn Ser Glu Gln Ile Tyr Glu
690 695 700

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Glu Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
 725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
 740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
 755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
 770 775 780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
 785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
 805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
 820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
 835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
 850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
 865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
 885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
 900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser
 915 920 925

Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Val Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

Pro Leu Asn
 1025

<210> 109
 <211> 3231
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 109
 gatgacacag tacttggtcac tgtaactaat tcagaaaaat tcagtgtctt ccatcttgaa
 60

caaaaagttg gagaaaaggt agaagctttg tctgaagtta ttaccttcaa aaaaggagaa
 120

taatctatga acatgactga aaaaattcaa acttatttaa acgatccaaa gattgttagc
 180

gttaatactg ttgatgctca ctcagatcat aagtattttg aatctcttga agaattttct
 240

gaaggggaga tgaagttaag acaatctctt aatggaaaat ggaaaattca ctatgctcag
 300

aatacaaac aggtttttaa agacttttat aaaacagaat ttgatgaaac tgatttgaat
 360

ttcatcaatg taccaggtca tttagagctt caaggttttg gttctccaca atatgtgaat
 420

acccaatatc cttgggatgg taaagaattc cttcgtccac ctcaagttcc tcaagaatca
480

aatgctgttg catcatcgt taaacatttt accttgaatg atgcattaaa agataaaaaa
540

gtatttatct cattccaagg ggttgctact tccatctttg tatgggtcaa tggtaacttc
600

gtaggataca gtgaagattc atttacacct agtgaatttg aaattagtga ttaccttggt
660

gaaggtgata acaagttggc ggtagctgtt tatcgttact ctacagcaag ctggttggaa
720

gaccaagact tctggagact ttacggtatt tttagagatg tttacttgta tgctattcca
780

aaagttcacg ttcaagatct ctttgttaag ggagattatg attaccaaac aaaagcaggt
840

caattggata ttgatttgaa gactgttggt gattatgaag acaagaagat taaatatggt
900

ctttcagatt atgaaggcat cgttacagaa ggtgatgcat ctgttaatag tgacggtgaa
960

ctatctgtaa gtcttgaaaa tcttaaaatc aaaccttgga gtgctgaaag tcctaaactt
1020

tacgatttga tccttcatgt tttggatgat gaccaagttg ttgaagtcgt tccagttaaa
1080

gttggattta gacgctttga aattaaagat aaacttatgc ttttgaatgg taagagaatt
1140

gtcttttaaag gggttaacag acacgaattt aacgctagaa caggacgttg tatcactgaa
1200

gaagatatgc tttgggatat caaagtgatg aaacaacata acatcaatgc tgttcgtact
1260

tcacactatc ctaaccaaac acgttggtat gaattgtgtg atgaatatgg actttatggt
1320

atcgatgaag ccaaccttga aacacacggt acatggcaaa aacttggtct atgcgaacct
1380

tcattggaata tcccagctag tgaaccagaa tggttgcctg cttgtttgga tcgtgccaat
1440

aacatgttcc aacgcgataa gaaccacgct agtgttatca tttggtcttg tggtaatgaa
1500

tcatatgctg gtaaagatat tgctgacatg gctgattact tccgtagtgt tgacaatact
1560

cgtccagttc actatgaagg tgttgcatgg tgtcgtgagt ttgattacat tacagacatc
1620

gaaagtcgta tgtatgcgaa accagctgat atcgaagaat acctcacaac tggtaaacta
1680

gttgatcttt caagcgttag tgataaacac tttgcttcag gtaacctaac taacaaacct
1740

caaaaacctt atatttcatg tgaatacatg cacacaatgg gtaactctgg tgggtggattg
1800

caactctaca ctgacttaga gaaatatcca gaataccaag gtggatttat ttgggacttc
1860

attgaccaag ctatttaca aacacttcca aatggtagcg aattcctatc atatggtggt
1920

gactggcatg atagaccttc tgactacgaa ttttgtggaa atggtatcgt ctttgcagat
1980

cgtaccctaa ctccaaaact tcaaacagtt aaacatcttt actctaatat taagattgct
2040

gttgatgaaa aatcagtaac tatcaagaat gataatctct tcgaagatct ttctgcttat
2100

actttcctag ctagagttta cgaagatggg agaaaagtta gtgaaagtga atatcacttt
2160

gatgttaaac caggcgaaga agcaacattc ccagttaact ttgtagtcga ggcttcaaat
2220

tctgaacaaa ttacgaagt tgcttgtggt ctgagggaag caactaaatg ggctcctaaa
2280

ggtcatgaaa ttgttcgtgg tcaatatggt gttgaaaaga ttagcactga aacaccagtt
2340

aaagcacctt tgaatgttgt tgaaggcgac ttcaacatcg gtattcaagg acaaaacttc
2400

tcaatcttgc tttcacgtgc acaaaatact ttagtatctg ctaagtataa tgggtgttgaa
2460

ttcattgaga aaggtcctaa acttagcttc actcgtgctt aactgacaa cgatcgtggg
2520

gctggatatc cattcgaaat ggcaggctgg aagggtgctg gaaactatag taaagttaca
2580

gataactcaaa ttcaaatacga agacgactct gttaaagtga cttatgttca tgaattgcc
2640

ggcttgtctg atgtcgaagt taaggtaact tatcaagttg attacaaggg tcgaatcttt
2700

gttactgcaa actatgatgg taaagcaggt ttgccaaact tccctgaatt tgggtctagaa
2760

tttgctatcg gttcacaatt tacaaacctt agctattatg gatacgggtgc agaagaaagc
2820

taccgtgata aacttcctgg tgcctatctt ggtcgatatg aaacatctgt tgaaaagaca
2880

tttgctccat atctaatacga acaagaatct ggtaatacact atggtactcg tgaattcaca
2940

gtatctgatg ataaccataa tgggtcttaa ttcaccgcac ttaataaagc attcgaattc
3000

agtgttttgc gtaacagtac tgaacaaatt gaaaatgctc gtcaccaata tgagttgcaa
3060

gaatctgatg ctacatggat taaagttctt gctgctcaaa tgggtgtagg tggtgacgac
3120

acatgggggtg ctccagttca tgacgaattc ttgcttagct cagcagatag ctatcaatta
3180

agcttcatga ttgaaccact aaattaggta gttattaaga atctagttgt a
3231

<210> 110

<211> 1026

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 110

Met	Asn	Met	Thr	Glu	Lys	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asp	Pro	Lys	Ile
1				5					10					15	

Val	Ser	Val	Asn	Thr	Val	Asp	Ala	His	Ser	Asp	His	Lys	Tyr	Phe	Glu
			20					25					30		

Ser	Leu	Glu	Glu	Phe	Ser	Glu	Gly	Glu	Met	Lys	Leu	Arg	Gln	Ser	Leu
		35					40					45			

Asn	Gly	Lys	Trp	Lys	Ile	His	Tyr	Ala	Gln	Asn	Thr	Asn	Gln	Val	Leu
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

50		55		60											
Lys 65	Asp	Phe	Tyr	Lys	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Asn	Phe	Ile 80
Asn	Val	Pro	Gly	His 85	Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Phe	Gly	Ser	Pro	Gln	Tyr 95
Val	Asn	Thr	Gln	Tyr	Pro	Trp	Asp	Gly	Lys	Glu	Phe	Leu	Arg	Pro	Pro 110
Gln	Val	Pro	Gln	Glu	Ser	Asn	Ala	Val	Ala	Ser	Tyr	Val	Lys	His	Phe 125
Thr	Leu	Asn	Asp	Ala	Leu	Lys	Asp	Lys	Lys	Val	Phe	Ile	Ser	Phe	Gln 140
Gly	Val	Ala	Thr	Ser	Ile	Phe	Val	Trp	Val	Asn	Gly	Asn	Phe	Val	Gly 160
Tyr	Ser	Glu	Asp	Ser	Phe	Thr	Pro	Ser	Glu	Phe	Glu	Ile	Ser	Asp	Tyr 175
Leu	Val	Glu	Gly	Asp	Asn	Lys	Leu	Ala	Val	Ala	Val	Tyr	Arg	Tyr	Ser 190
Thr	Ala	Ser	Trp	Leu	Glu	Asp	Gln	Asp	Phe	Trp	Arg	Leu	Tyr	Gly	Ile 205
Phe	Arg	Asp	Val	Tyr	Leu	Tyr	Ala	Ile	Pro	Lys	Val	His	Val	Gln	Asp 220
Leu	Phe	Val	Lys	Gly	Asp	Tyr	Asp	Tyr	Gln	Thr	Lys	Ala	Gly	Gln	Leu 240
Asp	Ile	Asp	Leu	Lys	Thr	Val	Gly	Asp	Tyr	Glu	Asp	Lys	Lys	Ile	Lys 255
Tyr	Val	Leu	Ser	Asp	Tyr	Glu	Gly	Ile	Val	Thr	Glu	Gly	Asp	Ala	Ser 270

Val Asn Ser Asp Gly Glu Leu Ser Val Ser Leu Glu Asn Leu Lys Ile
 275 280 285

Lys Pro Trp Ser Ala Glu Ser Pro Lys Leu Tyr Asp Leu Ile Leu His
 290 295 300

Val Leu Asp Asp Asp Gln Val Val Glu Val Val Pro Val Lys Val Gly
 305 310 315 320

Phe Arg Arg Phe Glu Ile Lys Asp Lys Leu Met Leu Leu Asn Gly Lys
 325 330 335

Arg Ile Val Phe Lys Gly Val Asn Arg His Glu Phe Asn Ala Arg Thr
 340 345 350

Gly Arg Cys Ile Thr Glu Glu Asp Met Leu Trp Asp Ile Lys Val Met
 355 360 365

Lys Gln His Asn Ile Asn Ala Val Arg Thr Ser His Tyr Pro Asn Gln
 370 375 380

Thr Arg Trp Tyr Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Leu Tyr Val Ile Asp
 385 390 395 400

Glu Ala Asn Leu Glu Thr His Gly Thr Trp Gln Lys Leu Gly Leu Cys
 405 410 415

Glu Pro Ser Trp Asn Ile Pro Ala Ser Glu Pro Glu Trp Leu Pro Ala
 420 425 430

Cys Leu Asp Arg Ala Asn Asn Met Phe Gln Arg Asp Lys Asn His Ala
 435 440 445

Ser Val Ile Ile Trp Ser Cys Gly Asn Glu Ser Tyr Ala Gly Lys Asp
 450 455 460

Ile Ala Asp Met Ala Asp Tyr Phe Arg Ser Val Asp Asn Thr Arg Pro
 465 470 475 480

Val His Tyr Glu Gly Val Ala Trp Cys Arg Glu Phe Asp Tyr Ile Thr

485										490					495				
Asp	Ile	Glu	Ser	Arg	Met	Tyr	Ala	Lys	Pro	Ala	Asp	Ile	Glu	Glu	Tyr				
			500					505					510						
Leu	Thr	Thr	Gly	Lys	Leu	Val	Asp	Leu	Ser	Ser	Val	Ser	Asp	Lys	His				
		515					520					525							
Phe	Ala	Ser	Gly	Asn	Leu	Thr	Asn	Lys	Pro	Gln	Lys	Pro	Tyr	Ile	Ser				
	530					535					540								
Cys	Glu	Tyr	Met	His	Thr	Met	Gly	Asn	Ser	Gly	Gly	Gly	Leu	Gln	Leu				
545					550					555					560				
Tyr	Thr	Asp	Leu	Glu	Lys	Tyr	Pro	Glu	Tyr	Gln	Gly	Gly	Phe	Ile	Trp				
			565					570						575					
Asp	Phe	Ile	Asp	Gln	Ala	Ile	Tyr	Lys	Thr	Leu	Pro	Asn	Gly	Ser	Glu				
			580					585					590						
Phe	Leu	Ser	Tyr	Gly	Gly	Asp	Trp	His	Asp	Arg	Pro	Ser	Asp	Tyr	Glu				
		595					600					605							
Phe	Cys	Gly	Asn	Gly	Ile	Val	Phe	Ala	Asp	Arg	Thr	Leu	Thr	Pro	Lys				
	610					615					620								
Leu	Gln	Thr	Val	Lys	His	Leu	Tyr	Ser	Asn	Ile	Lys	Ile	Ala	Val	Asp				
625					630					635					640				
Glu	Lys	Ser	Val	Thr	Ile	Lys	Asn	Asp	Asn	Leu	Phe	Glu	Asp	Leu	Ser				
				645					650					655					
Ala	Tyr	Thr	Phe	Leu	Ala	Arg	Val	Tyr	Glu	Asp	Gly	Arg	Lys	Val	Ser				
			660					665					670						
Glu	Ser	Glu	Tyr	His	Phe	Asp	Val	Lys	Pro	Gly	Glu	Glu	Ala	Thr	Phe				
		675					680					685							
Pro	Val	Asn	Phe	Val	Val	Glu	Ala	Ser	Asn	Ser	Glu	Gln	Ile	Tyr	Glu				
	690					695					700								

Val Ala Cys Val Leu Arg Glu Ala Thr Lys Trp Ala Pro Lys Gly His
705 710 715 720

Glu Ile Val Arg Gly Gln Tyr Val Val Glu Lys Ile Ser Thr Glu Thr
725 730 735

Pro Val Lys Ala Pro Leu Asn Val Val Glu Gly Asp Phe Asn Ile Gly
740 745 750

Ile Gln Gly Gln Asn Phe Ser Ile Leu Leu Ser Arg Ala Gln Asn Thr
755 760 765

Leu Val Ser Ala Lys Tyr Asn Gly Val Glu Phe Ile Glu Lys Gly Pro
770 775 780

Lys Leu Ser Phe Thr Arg Ala Tyr Thr Asp Asn Asp Arg Gly Ala Gly
785 790 795 800

Tyr Pro Phe Glu Met Ala Gly Trp Lys Val Ala Gly Asn Tyr Ser Lys
805 810 815

Val Thr Asp Thr Gln Ile Gln Ile Glu Asp Asp Ser Val Lys Val Thr
820 825 830

Tyr Val His Glu Leu Pro Gly Leu Ser Asp Val Glu Val Lys Val Thr
835 840 845

Tyr Gln Val Asp Tyr Lys Gly Arg Ile Phe Val Thr Ala Asn Tyr Asp
850 855 860

Gly Lys Ala Gly Leu Pro Asn Phe Pro Glu Phe Gly Leu Glu Phe Ala
865 870 875 880

Ile Gly Ser Gln Phe Thr Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Tyr Gly Ala Glu
885 890 895

Glu Ser Tyr Arg Asp Lys Leu Pro Gly Ala Tyr Leu Gly Arg Tyr Glu
900 905 910

Thr Ser Val Glu Lys Thr Phe Ala Pro Tyr Leu Met Pro Gln Glu Ser

915 920 925
 Gly Asn His Tyr Gly Thr Arg Glu Phe Thr Val Ser Asp Asp Asn His
 930 935 940

 Asn Gly Leu Lys Phe Thr Ala Leu Asn Lys Ala Phe Glu Phe Ser Ala
 945 950 955 960

 Leu Arg Asn Ser Thr Glu Gln Ile Glu Asn Ala Arg His Gln Tyr Glu
 965 970 975

 Leu Gln Glu Ser Asp Ala Thr Trp Ile Lys Val Leu Ala Ala Gln Met
 980 985 990

 Gly Val Gly Gly Asp Asp Thr Trp Gly Ala Pro Val His Asp Glu Phe
 995 1000 1005

 Leu Leu Ser Ser Ala Asp Ser Tyr Gln Leu Ser Phe Met Ile Glu
 1010 1015 1020

 Pro Leu Asn
 1025

<210> 111
 <211> 264
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 111
 atggcttcta aagatttcca cattgttgca gaaactggta ttcacgcacg accagctact
 60

ttgcttggtc aaacagcaag taaatttgct tcagatatca ctcttgaata caaaggtaaa
 120

gcagttaacc ttaaattctat catgggtggt atgagtcttg gtgttggtca aggtgctgac
 180

gtaactatatt ctgcagaagg tcctgacgct gatgatgcaa ttgcagcaat cgcagaaaca
 240

atgacaaaag aaggattggc ataa
 264

<210> 112

<211> 87
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 112

Met Ala Ser Lys Asp Phe His Ile Val Ala Glu Thr Gly Ile His Ala
 1 5 10 15

Arg Pro Ala Thr Leu Leu Val Gln Thr Ala Ser Lys Phe Ala Ser Asp
 20 25 30

Ile Thr Leu Glu Tyr Lys Gly Lys Ala Val Asn Leu Lys Ser Ile Met
 35 40 45

Gly Val Met Ser Leu Gly Val Gly Gln Gly Ala Asp Val Thr Ile Ser
 50 55 60

Ala Glu Gly Pro Asp Ala Asp Asp Ala Ile Ala Ala Ile Ala Glu Thr
 65 70 75 80

Met Thr Lys Glu Gly Leu Ala
 85

<210> 113
 <211> 264
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 113

atggcttcta aagatttcca cattgttgca gaaactggta ttcattgcacg accagctact
 60

ttgcttggttc aaacagcaag taaatttgct tcagatatca ctcttgaata caaaggtaaa
 120

gcagttaacc ttaaattctat catgggtggt atgagtcttg gtggttggtca aggtgctgac
 180

gtaactatatt ctgcagaagg tcctgacgct gatgctgcaa ttgcagcaat cgcagaaaca
 240

atgacaaaag aaggattggc ataa
 264

<210> 114
 <211> 87

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 114

Met Ala Ser Lys Asp Phe His Ile Val Ala Glu Thr Gly Ile His Ala
 1 5 10 15

Arg Pro Ala Thr Leu Leu Val Gln Thr Ala Ser Lys Phe Ala Ser Asp
 20 25 30

Ile Thr Leu Glu Tyr Lys Gly Lys Ala Val Asn Leu Lys Ser Ile Met
 35 40 45

Gly Val Met Ser Leu Gly Val Gly Gln Gly Ala Asp Val Thr Ile Ser
 50 55 60

Ala Glu Gly Pro Asp Ala Asp Ala Ala Ile Ala Ala Ile Ala Glu Thr
 65 70 75 80

Met Thr Lys Glu Gly Leu Ala
 85

<210> 115

<211> 264

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 115

atggcttcta aagatttcca cattgttgca gaaactggta ttcacgcacg accagctgct
 60

ttgcttggtc aaacagcaag taaatttgct tcagatatca ctcttgaata caaaggtaaa
 120

gcagttaacc ttaaattctat catgggtggt atgagtcttg gtgttggtca aggtgctgac
 180

gtaactatatt ctgcagaagg tcctgacgct gatgatgcaa ttgcagcaat cgcagaaaca
 240

atgacaaaag aaggattggc ataa
 264

<210> 116

<211> 87

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 116

Met Ala Ser Lys Asp Phe His Ile Val Ala Glu Thr Gly Ile His Ala
1 5 10 15

Arg Pro Ala Ala Leu Leu Val Gln Thr Ala Ser Lys Phe Ala Ser Asp
20 25 30

Ile Thr Leu Glu Tyr Lys Gly Lys Ala Val Asn Leu Lys Ser Ile Met
35 40 45

Gly Val Met Ser Leu Gly Val Gly Gln Gly Ala Asp Val Thr Ile Ser
50 55 60

Ala Glu Gly Pro Asp Ala Asp Asp Ala Ile Ala Ala Ile Ala Glu Thr
65 70 75 80

Met Thr Lys Glu Gly Leu Ala
85

<210> 117

<211> 264

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 117

atggcttcta aagatttcca cattgttgca gaaactggta ttcacgcacg accagctact
60

ttgcttggtc aaacagcaag taaatttgct tcagatatca ctcttgaata caaaggtaaa
120

gcagttaacc ttaaattctat catgggtatt atgagtcttg gtgttggtca aggtgctgac
180

gtaactatatt ctgcagaagg tcctgacgct gatgatgcaa ttgcagcaat cgcagaaaca
240

atgacaaaag aaggattggc ataa
264

<210> 118

<211> 87

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 118

Met Ala Ser Lys Asp Phe His Ile Val Ala Glu Thr Gly Ile His Ala
 1 5 10 15

Arg Pro Ala Thr Leu Leu Val Gln Thr Ala Ser Lys Phe Ala Ser Asp
 20 25 30

Ile Thr Leu Glu Tyr Lys Gly Lys Ala Val Asn Leu Lys Ser Ile Met
 35 40 45

Gly Ile Met Ser Leu Gly Val Gly Gln Gly Ala Asp Val Thr Ile Ser
 50 55 60

Ala Glu Gly Pro Asp Ala Asp Asp Ala Ile Ala Ala Ile Ala Glu Thr
 65 70 75 80

Met Thr Lys Glu Gly Leu Ala
 85

<210> 119

<211> 264

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 119

atggcttcta aaaatttcca cattgttgca gaaactggta ttcacgcacg accagctact
 60

ttgcttggtc aaacagcaag taaatttgct tcagatatca ctcttgaata caaaggtaaa
 120

gcagttaacc ttaaattctat catgggtggt atgagtcttg gtggttggtca ggggtgctgac
 180

gtaactatta ctgcagaagg tcctgacgct gatgatgcaa tttcagcaat cgcagaaaca
 240

atgacaaaag aaggattggc ataa
 264

<210> 120

<211> 87

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 120

Met Ala Ser Lys Asn Phe His Ile Val Ala Glu Thr Gly Ile His Ala
 1 5 10 15

Arg Pro Ala Thr Leu Leu Val Gln Thr Ala Ser Lys Phe Ala Ser Asp
 20 25 30

Ile Thr Leu Glu Tyr Lys Gly Lys Ala Val Asn Leu Lys Ser Ile Met
 35 40 45

Gly Val Met Ser Leu Gly Val Gly Gln Gly Ala Asp Val Thr Ile Thr
 50 55 60

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

Met Thr Lys Glu Gly Leu Ala
 85

<210> 121

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 121

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaggttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt gggtcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa atccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
 360

aatatcatca aggaagctaa gggtggtatc aaggcattc cagaagagct aaatccagct
 420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catgggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tccgatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtatttaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttggaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagatttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 122

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 122

Met	Gly	Ile	Gly	Ile	Ile	Ile	Ala	Ser	His	Gly	Arg	Phe	Ala	Glu	Gly
1				5					10					15	

Ile	His	Gln	Ser	Gly	Ser	Met	Ile	Phe	Gly	Asp	Gln	Glu	Lys	Val	Gln
			20					25					30		

Val	Val	Thr	Phe	Met	Pro	Ser	Glu	Gly	Pro	Asp	Asp	Leu	Tyr	Ala	His
		35					40					45			

Phe	Asn	Asn	Ala	Ile	Ala	Gln	Phe	Asp	Val	Asp	Asp	Glu	Ile	Leu	Val
50						55				60					

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 123
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 123
 atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
 360

aatatcatca aggaagctaa ggctggtatc aaggcacttc cagagggcgt aaatccagct
 420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
 480

acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
 540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
 600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
 660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacagt
720

tttgaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 124

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 124

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
325 330

<210> 125
<211> 993
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 125
atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
240

gctagggaaa atccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa gggtggtatc aaggcacttc cagaagagct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catgggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttggaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttgttt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagatttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 126

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 126

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 127

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 127

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aaagccattg cacaattcga tgttgatgat
180

gaaattcttg ttttggctga cttttggagt ggttcacat ttaaccaagc tagtcgaatc
240

gctagggaaa atccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa gggtggtatc aaggcacttc cagaggagct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaata cacatgcact tgtcttggtc gaaactgtc aagacgtact tcgtgctgct
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttcaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 128

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 128

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Lys Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Val
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 129
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 129
 atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggctctgatg atttgtacgc tcaactcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggtga cctttggagt gggtcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctatagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa ggttggtatc aaggcacttc cagaggcgct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtgt tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 130

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 130

Met	Gly	Ile	Gly	Ile	Ile	Ile	Ala	Ser	His	Gly	Lys	Phe	Ala	Glu	Gly
1				5					10					15	

Ile	His	Gln	Ser	Gly	Ser	Met	Ile	Phe	Gly	Asp	Gln	Glu	Lys	Val	Gln
			20					25					30		

Val	Val	Thr	Phe	Met	Pro	Ser	Glu	Gly	Pro	Asp	Asp	Leu	Tyr	Ala	His
		35					40					45			

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

Ala Thr Ile Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
 115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Val Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 131
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 131
 atgggtatcg gtattattat cgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcgagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtagcg tcaactcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
 360

aatatcatca aggaagctaa ggctggtatc aaggcacttc cagaggcgct aaatccagct
 420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
 480

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
 540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcgct tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttgggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 132

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 132

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Arg
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 133

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 133

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtacgc tcaattcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
 360

aatatcatca aggaagctaa gggtggtatc aaggcacttc cagaggcgct aaatccagct
 420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
 480

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
 540

catggatcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
 600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
 660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
 720

tttgaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
 780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 134

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 134

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
325 330

<210> 135

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 135

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa ggctggtatc aaggcacttc cagaggagct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catgggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttggaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 136
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 136

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 137

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 137

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtaacg tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggtga cctttggagt gggtcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctatagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa ggggtggtatc aaggcacttc cagaggcgct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catgggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttgggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aagggtccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 138

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 138

Met	Gly	Ile	Gly	Ile	Ile	Ile	Ala	Ser	His	Gly	Lys	Phe	Ala	Glu	Gly
1				5					10					15	

Ile	His	Gln	Ser	Gly	Ser	Met	Ile	Phe	Gly	Asp	Gln	Glu	Lys	Val	Gln
			20					25					30		

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Ile Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 140

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 140

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Val Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Leu Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly

290

295

300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 141

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 141

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggctctgatg atttgtacgc tcacttcaac aaagccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt gggtcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa atccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
 360

aatatcatca aggaagctaa ggggtgtatc aaggcacttc cagaggagct aaatccagct
 420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
 480

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
 540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
 600

tccgatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
 660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattagttg atgcttctaa agaccacgt
 720

tttgaaata cacatgcact tgtcttggtc gaaactgttc aagacgtact tcgtgctgtc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 142

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 142

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Lys Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Val Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Val
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 143

<211> 993

<212> ADN

<213> *Streptococcus thermophilus*

<400> 143

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
120

ggctctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
180

gaaattcttg ttttggtga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa ggctggtatc aaggcacttc cagaggcgct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgtttt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttggaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcgct tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttgttt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 144

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 144

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

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

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 145
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 145
 atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaat aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
240

gctagggaaa atccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca aattgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa gggtggtatc aaggcacttc cagaggagct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcacgc gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggactc acgtctcttg
540

catgggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttggaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttgttt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgtcgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 146

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 146

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly

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

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 147

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 147

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggctga ctttggagt gggtcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttactgct
 360

aatatcatca aggaagctaa ggctgggtatc aaggcacttc cagagggcgct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catgggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgcaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttgttt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 148

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 148

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 149

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 149

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120

ggtcctgatg atttgtacgc tcaattcaac aaagccattg cacaattcga tgttgatgat
 180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240

gctagggaaa atccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
 360

aatatcatca aggaagctaa ggggtgtatc aaggcacttc cagaggagct aaatccagct
 420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
 480

acagtcacg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
 540

catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
 600

tccgatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcgct tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 150

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 150

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Lys Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn

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

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 151
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 151
 atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
 60
 ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
 120
 ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
 180
 gaaattcttg ttttggctga cctttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
 240
 gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
 300
 atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
 360
 aatatcatca aggaagctaa ggctggtatc aaggcacttc cagaggcgct aaatccagct
 420
 gaggaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
 480
 acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
 540
 catggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
 600
 tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
 660
 ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
 720
 tttggaaata cacatgcact tgtcttggtc gaaactgttc aagacgtact tcgtgctgtc
 780
 gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
 840

acaatgggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 152

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 152

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly

145 150 155 160
 Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175
 Thr Arg Leu Leu His Gly Gln Val Val Thr Asn Trp Val Pro Tyr Ser
 180 185 190
 Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205
 Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220
 Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240
 Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Val
 245 250 255
 Leu Arg Ala Val Glu Gly Gly Val Pro Ile Lys Glu Leu Asn Val Gly
 260 265 270
 Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285
 Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300
 Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
 305 310 315 320
 Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
 325 330

<210> 153
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus
 <400> 153

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtaagttcg ctgaaggaat ccaccaatca
60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
180

gaaattcttg ttttggtga cttttggagt ggttcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
240

gctagggaaa acccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt accaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa ggcaggtatc aaggcacttc cagaggcgct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct acagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcacgc gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catgggtcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tcggatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggtattaaag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatggtta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttgttt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgttgaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagacttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 154

<211> 330

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 154

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Thr Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu

195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Val Glu Phe Asp Val Arg Lys Val Pro Asn Asp Ser Lys Lys Asp Leu
305 310 315 320

Phe Glu Leu Ile Lys Lys Ala Asn Val Gln
325 330

<210> 155

<211> 993

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 155

atgggtatcg gtattattat tgccagccat ggtagggttcg ctgaaggaat ccaccaatca
60

ggctctatga tttttgggga ccaagagaaa gttcaagttg tgactttcat gccaaagtga
120

ggtcctgatg atttgtacgc tcacttcaac aacgccattg cacaattcga tgttgatgat
180

gaaattcttg ttttggctga cctttggagt gggtcaccat ttaaccaagc tagtcgaatc
240

gctagggaaa atccagatcg caagattgct atcatcacag gacttaactt gccaatgcta
300

atccaagcat aactgaacg tatgatggat gctaacgcta ctgtagagca agttgctgct
360

aatatcatca aggaagctaa gggtggtatc aaggcacttc cagaagagct aaatccagct
420

gaggaaacaa ctgcagctcc tgtagaagct gcagcacctc aaggagctat ccctgaagga
480

acagtcatcg gagatggtaa actcaagatt aacttggcac gtttggacac acgtctcttg
540

catggatcaag tagtaactaa ctgggtacct tattctaaag cagaccgtat tattgttgct
600

tccgatgacg ttgccaaaga tgagcttcgt aaggaattga tcaaacaggc tgcaccaaac
660

ggattataag taaacgttgt tccgattcaa aaattaattg atgcttctaa agaccacgt
720

tttgaaata cacatgcgct tgtcttggtc gaaactgttc aagacgcact tcgtgctatc
780

gaaggtggcg tgccaataaa agaacttaac gttggttcta tggctcactc aactggtaaa
840

acaatgggta acaacgtttt gtctatggat aaagatgatg ttgcttggtt tgaaaaatta
900

cgtgaccttg gcgtttaatt tgacgtccgt aaggttccaa acgattctaa gaaagatttg
960

tttgagctta tcaagaaagc taacgttcaa taa
993

<210> 156

<211> 305

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 156

Met	Gly	Ile	Gly	Ile	Ile	Ile	Ala	Ser	His	Gly	Arg	Phe	Ala	Glu	Gly
1				5					10					15	

Ile	His	Gln	Ser	Gly	Ser	Met	Ile	Phe	Gly	Asp	Gln	Glu	Lys	Val	Gln
			20					25					30		

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

308

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
 305

<210> 158
 <211> 305

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 158

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
 115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu

195 200 205
 Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220
 Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240
 Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255
 Leu Arg Ala Ile Glu Gly Gly Val Pro Ile Lys Glu Leu Asn Val Gly
 260 265 270
 Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285
 Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
305

<210> 159
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 159

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Lys Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
 115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Val
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
 305

<210> 160
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 160

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

Ala Thr Ile Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
 115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly

145 150 155 160
 Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175
 Thr Arg Leu Leu His Gly Gln Val Val Thr Asn Trp Val Pro Tyr Ser
 180 185 190
 Lys Ala Asp Arg Val Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205
 Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220
 Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240
 Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255
 Leu Arg Ala Ile Glu Gly Gly Val Pro Ile Lys Glu Leu Asn Val Gly
 260 265 270
 Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285
 Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300
 Val
 305

<210> 161
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 161

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Arg
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Val
305

<210> 162
<211> 305
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 162

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn

100	105	110
Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly		
115	120	125
Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr		
130	135	140
Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly		
145	150	155
Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp		
	165	170
Thr Arg Leu Leu His Gly Gln Val Val Thr Asn Trp Val Pro Tyr Ser		
	180	185
Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu		
	195	200
Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val		
	210	215
Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg		
	225	230
Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala		
	245	250
Leu Arg Ala Ile Glu Gly Gly Val Pro Ile Lys Glu Leu Asn Val Gly		
	260	265
Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser		
	275	280
Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly		
	290	295
Val		
305		

<210> 163
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 163

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
 305

<210> 164
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 164

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val

320

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
 305

<210> 165
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 165

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Val Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
 115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Leu Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Val
305

<210> 166
<211> 305
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 166

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly

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

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Val Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Val
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
 305

<210> 167
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 167

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

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

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
305

<210> 168
<211> 305
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 168

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Ile Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Val
305

<210> 169
<211> 305
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 169

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
290 295 300

Val
305

<210> 170
<211> 305
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 170

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
35 40 45

Phe Asn Lys Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

Ala Thr Val Glu Gln Val Ala Ala Asn Ile Ile Lys Glu Ala Lys Gly
115 120 125

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Glu Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
 305

<210> 171
 <211> 305
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 171

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
 85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
 100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
 130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Ala Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
 145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
 165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
 195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
 210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
 225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Val
 245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
 275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly
 290 295 300

Val
 305

<210> 172

<211> 305

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 172

Met Gly Ile Gly Ile Ile Ile Ala Ser His Gly Lys Phe Ala Glu Gly
 1 5 10 15

Ile His Gln Ser Gly Ser Met Ile Phe Gly Asp Gln Glu Lys Val Gln
 20 25 30

Val Val Thr Phe Met Pro Ser Glu Gly Pro Asp Asp Leu Tyr Ala His
 35 40 45

Phe Asn Asn Ala Ile Ala Gln Phe Asp Val Asp Asp Glu Ile Leu Val
 50 55 60

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

Ala Arg Glu Asn Pro Asp Arg Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Leu Asn
85 90 95

Leu Pro Met Leu Ile Gln Ala Tyr Thr Glu Arg Met Met Asp Ala Asn
100 105 110

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

Gly Ile Lys Ala Leu Pro Glu Ala Leu Asn Pro Ala Glu Glu Thr Thr
130 135 140

Ala Ala Pro Val Glu Ala Thr Ala Pro Gln Gly Ala Ile Pro Glu Gly
145 150 155 160

Thr Val Ile Gly Asp Gly Lys Leu Lys Ile Asn Leu Ala Arg Leu Asp
165 170 175

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

Lys Ala Asp Arg Ile Ile Val Ala Ser Asp Asp Val Ala Lys Asp Glu
195 200 205

Leu Arg Lys Glu Leu Ile Lys Gln Ala Ala Pro Asn Gly Ile Lys Val
210 215 220

Asn Val Val Pro Ile Gln Lys Leu Ile Asp Ala Ser Lys Asp Pro Arg
225 230 235 240

Phe Gly Asn Thr His Ala Leu Val Leu Phe Glu Thr Val Gln Asp Ala
245 250 255

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

Ser Met Ala His Ser Thr Gly Lys Thr Met Val Asn Asn Val Leu Ser
275 280 285

Met Asp Lys Asp Asp Val Ala Cys Phe Glu Lys Leu Arg Asp Leu Gly

290

295

300

Val
305

<210> 173

<211> 828

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 173

atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctggtgcctt ccttgctggt
60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttggtgcatg taccctcatc
120

ggtgctgcc aaggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaatgatt
180

acccttgctt gggcaaacaat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
240

gccgctgcc tcatcttggt taaagggtgt aaatttacag ctgaaggtat cggtgttgcg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcattctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggttttgt tgctcgttgt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccattgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct cttagtacca ttggtgttgc catcgccctc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 174
 <211> 275
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 174

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
 1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
 115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met

180

185

190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
 210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Ser Thr Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
 225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
 245 250 255

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

Glu Asp Tyr
 275

<210> 175
 <211> 828
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 175
 atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttgcctt ccttgctggt
 60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatt taccctcatc
 120

ggtgctgcc caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
 180

acccttgctt gggcaaacat cgggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
 240

gccgctgcc tcattttggt taaagggtggt aaatttacag ctgaaggtat cgggtgttgcg
 300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tggtcgtaca
 360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
 420

gttgaacgtg catactacct ctctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgtcgggtgt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct cttagtagca ttggtgttgc catcgccttc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 176

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 176

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu

100	105	110
Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala		
115	120	125
Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala		
130	135	140
Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala		
145	150	155
Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly		
165	170	175
Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met		
180	185	190
Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg		
195	200	205
Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser		
210	215	220
Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Ser Thr Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe		
225	230	235
Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn		
245	250	255
Gly Gly Gly Thr Ser Ser Gly Ser Gly Asp Pro Ile Gly Asp Ile Leu		
260	265	270
Glu Asp Tyr		
275		

<210> 177
 <211> 828
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

 <400> 177

atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctggtgcctt ccttgctggt
60

cttgaaggta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatt taccctcatc
120

ggtgctgcca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaagtatt
180

acccttgctt gggcaaakat cgggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
240

gctgctgcca tcattttggt taaagggtgt aaatttacag ctgaaggat cgggtgttgcg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgctgggtgt ggtatggtcg tagccgttg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaaggt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct cttagtacca ttggtgttgc catcgccctc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 178

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 178

Met	Ser	Asp	Met	Ser	Ile	Ile	Ser	Ala	Ile	Leu	Val	Val	Ala	Val	Ala
1				5					10					15	

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Ser Thr Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
225 230 235 240

341

gcagcaatta gccaatgac acttatcgct ctttggtgcca ttggtgttgc catcgcccttc
720

atctacctca acctttctaa acaaggtggc ggaaatggcg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcatctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 180

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 180

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala

```
<210>      181
<211>      828
<212>      ADN
<213>      Streptococcus thermophilus

<400>      181
atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttgcctt ccttgctggt
60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatt taccctcatc
120

ggtgctgcc  caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaatgatt
180

acccttgctt gggcaaacat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgcctt tgcattctgtt
240
```

gccgctgcc a tcattttggt taaaggtggt aaatttacag ctgaaggtat cgggtgtgcg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
420

gttgaacgtg catactacct ctctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggctt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgctcgtagt ggtatggctg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccattgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct ctttgtgcc ttggtgttgc catcgccctc
720

atctacctca acctttctaa acaaggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcatctgggt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 182

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 182

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Ser Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Cys Ala Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
245 250 255

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

Glu Asp Tyr
275

<210> 183
<211> 828
<212> ADN
<213> *Streptococcus thermophilus*

<400> 183
atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctggtgcctt ccttgctggt
60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatg taccctcatc
120

ggtgctgcca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaatgatt
180

acccttgctt gggcaaacaat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
240

gccgctgcca tcattttggt taaagggtgt aaatttacag ctgaaggat cggtgttgcg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgcggtggt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct cttggtacca ttggtgttgc catcgccttc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttgaag actactag
828

<210> 184
<211> 275
<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 184

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
 210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
 225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
 245 250 255

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

Glu Asp Tyr
 275

<210> 185
 <211> 828
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 185
 atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttgcctt ccttgctggt
 60

cttgaaggta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcattg taccctcatc
 120

ggtgctgccca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
 180

acccttgctt gggcaaacat cgggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
 240

gctgctgccca tcatttttgt taaagggtgt aaatttacag ctgaaggatat cgggtgttgcg
 300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
 360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
 420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
 480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
 540

tggtcaccc atggtttggt tgcggtggt ggtatggctg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaatgac acttatcgct cttggtacca ttggtgttgc catcgccttc
720

atctacctca acctttctaa acaaggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcatctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 186

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 186

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
 210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
 225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
 245 250 255

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

Glu Asp Tyr
 275

<210> 187

<211> 828

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 187

atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttcgctt ccttgctggt
 60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatg tactctcatc
 120

ggtgctgcc aaggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaagtatt
180

acccttgctt gggcaaacaat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
240

gccgctgcc tcatcttggt taaagggtgt aaatttacag ctgaaggat cgggtgtgctg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
420

gttgaacgtg catactacct ctctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgctgggtgt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaatgac acttatcgct cttggtgcca ttggtgttgc catcgccctc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 188

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 188

Met	Ser	Asp	Met	Ser	Ile	Ile	Ser	Ala	Ile	Leu	Val	Val	Ala	Val	Ala
1				5					10					15	

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

Pro	Leu	Val	Ala	Cys	Thr	Leu	Ile	Gly	Ala	Ala	Thr	Gly	Asn	Leu	Thr
			35					40				45			

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Gly Ala Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
245 250 255

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

Glu Asp Tyr
 275

<210> 189
 <211> 828
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 189
 atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttgcctt ccttgctggt
 60

cttgaaggta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcata taccctcatc
 120

ggtgctgcca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
 180

acccttgctt gggcaaacat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
 240

gctgctgcca tcattttggt taaagggtggt aaatttacag ctgaaggat cgggtgttgcc
 300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
 360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
 420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
 480

gcccttcttc ttgccatccc ggccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
 540

tggctcacc atggtttggt tgcggtggt ggtatggtcg tagccgttg ttacgccatg
 600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
 660

gcagcaatta gccaatgac acttatcgct cttagtacca ttggtgttg catcgcttc
 720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
 780

tcatctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 190

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 190

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Tyr Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Ser Thr Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
245 250 255

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

Glu Asp Tyr
275

<210> 191
<211> 828
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 191
atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttgcctt ccttgctggt
60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcattg taccctcatc
120

gggtgctgcca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
180

acccttgctt gggcaaacaat cgggtgctgcc gtagctcctg acgttgcctt tgcattctgtt
240

gccgctgcca tcatttttgt taaaggtggt aaatttacag ctgaaggtat cgggtgttgcg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tggtcgtaca
360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggg
420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggg tgctggtagt ggtatggctg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct cttggtgcca ttggtgttgc catgccttc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatagtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcctctgggt caggcgaccc aatcgcgcat atcttggaag actactag
828

<210> 192

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 192

Met	Ser	Asp	Met	Ser	Ile	Ile	Ser	Ala	Ile	Leu	Val	Val	Ala	Val	Ala
1				5					10					15	

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

Pro	Leu	Val	Ala	Cys	Thr	Leu	Ile	Gly	Ala	Ala	Thr	Gly	Asn	Leu	Thr
		35					40					45			

Ala	Gly	Ile	Met	Leu	Gly	Gly	Ser	Leu	Gln	Met	Ile	Thr	Leu	Ala	Trp
	50					55					60				

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

Ala	Ala	Ala	Ile	Ile	Leu	Val	Lys	Gly	Gly	Lys	Phe	Thr	Ala	Glu	Gly
				85					90					95	

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
 115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Ser Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
 210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Gly Ala Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
 225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Ser Gly Gly Asn
 245 250 255

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

Glu Asp Tyr
 275

<210> 193

<211> 828

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 193

atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctggtgcctt ccttgctggg
60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatt taccctcatc
120

ggtgctgcca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
180

acccttgctt gggcaaacaat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
240

gccgctgcca tcattttggt taaagggtgt aaatttacag ctgaaggat cggtgttgccg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcatctatta cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggg
420

gttgaacgtg catactacct ctctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgctggtggt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaaggt tggccattct tcgccattgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct ctttgtgcca ttggtgttgc catcgccttc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 194

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 194

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Thr Phe Val His Ala
 115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
 210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Cys Ala Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
 225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
 245 250 255

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

Glu Asp Tyr
 275

<210> 195
 <211> 828
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 195
 atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttgccctt ccttgctggt
 60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatg taccctcatc
 120

ggtgctgcc aaggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
 180

acccttgctt gggcaaacat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
 240

gccgctgcc tcatcttggt taaaggtggt aaatttacag ctgaaggat cggtgttgcg
 300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
 360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
 420

gttgaacgtg catactacct ctctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
 480

gcccttcttc ttgccatccc ggccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
 540

tggctcacc atggtttggt tgcggtggt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
 600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccattgg ttttgctttg
 660

gcagcaatta gccaatgac acttatcgct cttggtgcca ttggtgttgc catcgcttc
720

atctacctca acctttctaa acatggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcatctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 196

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 196

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Gly Ala Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys His Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
245 250 255

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

Glu Asp Tyr
275

<210> 197
<211> 828
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 197
atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttacctt ccttgctggt
60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatg taccctcatc
120

ggtgctgccca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaagtatt
180

acccttgctt gggcaaacaat cgggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
240

gccgctgcc a tcattttggt taaaggtggt aaatttacag ctgaaggtat cgggtgttgcg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcattctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggctt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgctcgtagt ggtatggctg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaatgac acttatcgct cttgggtgcc ttggtgttgc catcgccctc
720

atctacctca acctttctaa acaaggtggt ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 198

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 198

Met	Ser	Asp	Met	Ser	Ile	Ile	Ser	Ala	Ile	Leu	Val	Val	Ala	Val	Thr
1				5					10					15	

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

Pro	Leu	Val	Ala	Cys	Thr	Leu	Ile	Gly	Ala	Ala	Thr	Gly	Asn	Leu	Thr
		35					40					45			

Ala	Gly	Ile	Met	Leu	Gly	Gly	Ser	Leu	Gln	Met	Ile	Thr	Leu	Ala	Trp
	50					55					60				

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Ser Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Gly Ala Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
245 250 255

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

Glu Asp Tyr
275

<210> 199

<211> 828

<212> ADN

<213> *Streptococcus thermophilus*

<400> 199

atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctggtgcctt ccttgctggt
60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttggtgcatg taccctcatc
120

ggtgctgcca caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
180

acccttgctt gggcaaacaat cggtgctgcc gtagctcctg acgttgccct tgcattctgtt
240

gccgctgcca tcattttggt taaagggtgt aaatttacag ctgaaggat cggtgttgcg
300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
480

gcccttcttc ttgccatccc ggccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
540

tggctcacc atggtttggt tgctcgtagt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgtgaagtt tggccattct tcgccatcgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaattgac acttatcgct cttggtgcca ttggtgttgc catcgccttc
720

atctacctca acctttctaa acaagggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttgggaag actactag
828

<210> 200

<211> 275

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 200

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
 1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
 115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Ser Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

Glu Val Trp Pro Phe Phe Ala Ile Gly Phe Ala Leu Ala Ala Ile Ser
 210 215 220

Gln Leu Thr Leu Ile Ala Leu Gly Ala Ile Gly Val Ala Ile Ala Phe
 225 230 235 240

Ile Tyr Leu Asn Leu Ser Lys Gln Gly Gly Gly Asn Gly Gly Gly Asn
 245 250 255

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

Glu Asp Tyr
 275

<210> 201
 <211> 828
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 201
 atgtcagata tgtcaattat ttctgcgatt ttggtcgtag ctgttgcctt ccttgctggt
 60

cttgaaagta tccttgacca attccaattc caccaaccac ttgttgcatt taccctcatc
 120

gggtgctgcc caggtaacct cactgcaggt atcatgcttg gtggttctct tcaaattgatt
 180

acccttgctt gggcaaacat cgggtgctgcc gtagctcctg acgttgcctt tgcattctgtt
 240

gccgctgcc tcatcttggt taaaggtggt aaatttacag ctgaaggat cgggtgttgcg
 300

attgcaatag ctatcctgct tgcagttgca ggtctcttcc taactatgcc tgttcgtaca
 360

gcatctattg cctttgttca tgctgcagat aaagctgcag aacacggaaa catcgctggt
 420

gttgaacgtg catactacct cgctctcctt cttcaagggt tgcgtattgc tgtgccagca
 480

gcccttcttc ttgccatccc ggcccaatct gttcaacatg cccttggtt gatgcctgac
 540

tggctcacc atggtttggt tgcggtggt ggtatggtcg tagccgttgg ttacgccatg
600

attatcaata tgatggctac tcgttaagtt tggccattct tcgccattgg ttttgctttg
660

gcagcaatta gccaatgac acttatcgct cttagtagca ttggtgttgc catcgccctc
720

atctacctca acctttctaa acaaggtggc ggaaatggtg gcggaaatgg tggcggaact
780

tcattctggtt caggcgaccc aatcggcgat atcttggaag actactag
828

<210> 202

<211> 208

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 202

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

<210> 203

<211> 208

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 203

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
 1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu

100

105

110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
 115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

<210> 204

<211> 208

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 204

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
 1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

<210> 205

<211> 208

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 205

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
130 135 140

Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Ser Gly Met
180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
195 200 205

<210> 206

<211> 208

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 206

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Tyr Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
 115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205

<210> 207

<211> 208

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 207

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
 1 5 10 15

Phe Leu Ala Gly Leu Glu Ser Ile Leu Asp Gln Phe Gln Phe His Gln

20 25 30
 Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45
 Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60
 Ala Asn Ile Gly Ala Ala Val Ala Pro Asp Val Ala Leu Ala Ser Val
 65 70 75 80
 Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95
 Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110
 Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
 115 120 125
 Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140
 Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160
 Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175
 Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Ser Gly Met
 180 185 190
 Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205
 <210> 208
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus
 <400> 208

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Ala
 1 5 10 15
 Phe Leu Ala Gly Leu Glu Ser Ile Leu Asp Gln Phe Gln Phe His Gln
 20 25 30
 Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45
 Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60
 Ala Asn Ile Gly Ala Ala Val Ala Pro Asp Val Ala Leu Ala Ser Val
 65 70 75 80
 Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95
 Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110
 Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Thr Phe Val His Ala
 115 120 125
 Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140
 Tyr Tyr Leu Ser Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160
 Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175
 Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Gly Gly Met
 180 185 190
 Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg
 195 200 205
 <210> 209
 <211> 208

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 209

Met Ser Asp Met Ser Ile Ile Ser Ala Ile Leu Val Val Ala Val Thr
 1 5 10 15

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

Pro Leu Val Ala Cys Thr Leu Ile Gly Ala Ala Thr Gly Asn Leu Thr
 35 40 45

Ala Gly Ile Met Leu Gly Gly Ser Leu Gln Met Ile Thr Leu Ala Trp
 50 55 60

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

Ala Ala Ala Ile Ile Leu Val Lys Gly Gly Lys Phe Thr Ala Glu Gly
 85 90 95

Ile Gly Val Ala Ile Ala Ile Ala Ile Leu Leu Ala Val Ala Gly Leu
 100 105 110

Phe Leu Thr Met Pro Val Arg Thr Ala Ser Ile Ala Phe Val His Ala
 115 120 125

Ala Asp Lys Ala Ala Glu His Gly Asn Ile Ala Gly Val Glu Arg Ala
 130 135 140

Tyr Tyr Leu Ala Leu Leu Leu Gln Gly Leu Arg Ile Ala Val Pro Ala
 145 150 155 160

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Pro Ala Gln Ser Val Gln His Ala Leu Gly
 165 170 175

Leu Met Pro Asp Trp Leu Thr His Gly Leu Val Val Gly Ser Gly Met
 180 185 190

Val Val Ala Val Gly Tyr Ala Met Ile Ile Asn Met Met Ala Thr Arg

195

200

205

<210> 210

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 210

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttgggtg gcgctcacia
60

ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaaact tgggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatagg ggttacctta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatgggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
300

aaaatcggtg tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttatc cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
480

cttgggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatat ctgggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg cgcctctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 211
<211> 303
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 211

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ala Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Ile Gly Val Thr Leu
65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 212

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 212

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
 60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

attcctgcta tcaaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
 180

cacttgaaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg gggttacctta
 240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
 300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgttttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccat tgggtgcttca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttata cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctggtgggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg cgcctctcgt tgaacggtgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactgggtgat caactaaaaa ctattcttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtgggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcgggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 213

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 213

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Lys	Phe
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 214

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 214

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
 60

ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
 180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatagg gggttacctta
 240

gctcttgaag aagaaaaagc taatgggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
 300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcgggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
 360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
 420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttatc cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
 480

cttggttaca aagcaggttc agaaatcact aaagacatat ctggtgggtat cttgaaagat
 540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg ccgtcctcgt tgaacgttgg
 600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
 660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
 720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
 780

attccaggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtgggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcgggactc tttgtagttg gtattattgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 215

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 215

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ala Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Ile Gly Val Thr Leu
65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu

```
<210> 216
<211> 912
<212> ADN
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 216
atgtctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaaact tggggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaaact ttataactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
180
```

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg ggttacctta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatgggtact gaaatcgaag atgcgggctat ccaaggggtt
300

aaaatcggtg tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttgggtgccct tgggtgcatca ttggcacaat ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattggttg gaaccttata cgcatacctt tcttggtgta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcaggttc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg ccgtcctcgt tgaacggttg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccaggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 217

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 217

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
 35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
 50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Met Gly Val Thr Leu
 65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
 100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ser Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
 130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Thr Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
 145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln

387

gaatggccaa aaggatatgt tactgggtgat caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtgggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa ttacaatcat catcgggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 219

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 219

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Lys	Phe
	50					55					60				

Phe	Asn	Thr	His	Pro	Tyr	Val	Ala	Ala	Pro	Ile	Met	Gly	Val	Thr	Leu
65					70					75					80

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

Ile	Gln	Gly	Val	Lys	Ile	Gly	Met	Met	Gly	Pro	Leu	Ala	Gly	Ile	Gly
			100					105					110		

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
 130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
 145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Ser Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 220

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 220

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcaca
 60

ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaaact tgggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaacgt
180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg ggttacctta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatgggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
300

aaaatcggtg tgatgggtcc acttgccggt attggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttatt cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg cgcctctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgat caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggaactc tttgtagttg gtattggtgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 221

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 221

Met Ala Glu Lys Ile Gln Leu Ser Gln Ala Asp Arg Lys Lys Val Trp

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

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 222

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 222

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
 60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaagct
 180

cacttgaaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg gggtacctta
 240

gctcttgaag aagaaaaagc taatgggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
 300

aaaatcggtg tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
 360

cgtccaattc ttggtgcat ttggtgcttca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
 420

cttatcttct tcattggttg gaaccttatc cgcattggtct tcttgtggta cactcaagaa
 480

cttgggttaca aagcaggttc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
 540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcatcttgg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttcaactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactgggtgat caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa tattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccaggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 223

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 223

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Lys	Phe
	50					55					60				

Phe	Asn	Thr	His	Pro	Tyr	Val	Ala	Ala	Pro	Ile	Met	Gly	Val	Thr	Leu
65					70					75					80

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

Ile	Gln	Gly	Val	Lys	Ile	Gly	Met	Met	Gly	Pro	Leu	Ala	Gly	Ile	Gly
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

100	105	110
Asp Pro Val Phe Trp Phe Thr Ile Arg Pro Ile Leu Gly Ala Ile Gly		
115	120	125
Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe		
130	135	140
Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Val Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu		
145	150	155
Leu Gly Tyr Lys Ala Gly Ser Glu Ile Thr Lys Asp Met Ser Gly Gly		
	165	170
Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile		
	180	185
Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys		
	195	200
Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys		
	210	215
Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn		
225	230	235
Asp Lys Leu Ser Phe Asp Asn Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln		
	245	250
Leu Asp Ser Leu Ile Pro Gly Leu Thr Gly Leu Leu Leu Thr Phe Ala		
	260	265
Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile		
	275	280
Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met		
	290	295
		300
<210> 224		
<211> 912		
<212> ADN		

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 224

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
60

ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg ggttacctta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
300

aaaatcggtg tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttacc cgcattggcct tcttggtgga cactcaagaa
480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatat ctgggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggaactc tttgtagttg gtattgttgc aagtttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 225

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 225

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ala Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
 20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
 35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
 50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Met Gly Val Thr Leu
 65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
 100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
 130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
 145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys

195 200 205
 Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220
 Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240
 Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255
 Leu Asp Ser Leu Ile Pro Gly Leu Thr Gly Leu Leu Leu Thr Phe Ala
 260 265 270
 Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285
 Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

 <210> 226
 <211> 912
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

 <400> 226
 atgtctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
 60
 ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttggtg ttactcactc
 120
 attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
 180
 cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg ggttacctta
 240
 gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
 300
 aaaatcggtg tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
 360
 cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
 420

cttatcttct tcattggttg gaaccttata cgcattgacct tcttggtgta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcaggttc agaatcact aaagacatgt ctggtggtat ctgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg cgcctcctgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgat caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccaggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 227

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 227

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
		20					25						30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Glu	Phe
	50					55					60				

Phe	Asn	Thr	His	Pro	Tyr	Val	Ala	Ala	Pro	Ile	Met	Gly	Val	Thr	Leu
65					70					75					80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Thr Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met

290

295

300

<210> 228

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 228

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtagaa aggtttggtg gcgctcacia
60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg agttacctta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tactgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttacc cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctgggtggat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcatcttgg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgat caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

400

ggaatcatgt aa
912

<210> 229
<211> 303
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 229

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ser Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Met Gly Val Thr Leu
65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

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

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 230
 <211> 912
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 230
 atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtagaa aggtttggtg gcgcttaca
 60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
 180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg gggttacctta
 240

gctcttggaag aagaaaaagc taatgggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
 300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttgggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttatc cgcattggcct tcttggtgga cactctagaa
480

cttggttaca aagaagggtc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcttcttgg ccgtcctcgt tgaacggtgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactgggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 231

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 231

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

Trp	Arg	Leu	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Glu	Phe
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

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

405

attccagggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtgggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcgggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 233
<211> 303
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 233

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ser Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Lys Phe
50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Met Gly Val Thr Leu
65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu

145 150 155 160
 Leu Gly Tyr Lys Ala Gly Ser Glu Ile Thr Lys Asp Met Ser Gly Gly
 165 170 175
 Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190
 Leu Ala Phe Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205
 Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220
 Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240
 Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255
 Leu Asp Ser Leu Ile Pro Gly Leu Thr Gly Leu Leu Leu Thr Phe Ala
 260 265 270
 Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285
 Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 234

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 234

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
180

cacttgaaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg gattacctta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatgggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc taggtgccat tgggtgcttca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttata cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctgggtggat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcactaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 235

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 235

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
 35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Lys Phe
 50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Met Gly Ile Thr Leu
 65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
 100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
 130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
 145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln

245

250

255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Leu Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 236

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 236

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtagaa aggtttggtg gcgctcacia
 60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggatc aagccgcagc tcttaaactg
 180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg gggtacctta
 240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
 300

aaaatcggtg tgatgggtcc ccttgcaggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
 360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tactgggtcca
 420

cttatcttct tcattggttg gaaccttatc cgcattggcct tcttgttgga cactcaagaa
 480

cttggttaca aatcaggttc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
 540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg cgcctcctcg tgaacgttgg
 600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
 660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccaggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 237

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 237

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ser Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Met Gly Val Thr Leu
65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

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

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
 145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 238

<211> 912

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 238

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
 60

ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaacgt
180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatagg ggttacctta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgatca ttggcacaat ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattggttg gaaccttata cgcatacctt tcttgtggta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccaggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 239

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 239

Met Ala Glu Lys Ile Gln Leu Ser Gln Ala Asp Arg Lys Lys Val Trp

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

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 240
 <211> 912
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 240
 atgtctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcataaaa aggtttggtg gcgctcacia
 60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
 180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg ggttacctta
 240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
 300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
 360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgatca ttggcacaat ctggtaacat tgctgggtcca
 420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttatt cgcattgacct tcttggtgta cactcaagaa
 480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
 540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg cgcctctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 241

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 241

Met	Ser	Glu	Lys	Ile	Gln	Leu	Ser	Gln	Ala	Asp	His	Lys	Lys	Val	Trp
1				5					10					15	

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
		20						25					30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Glu	Phe
	50					55					60				

Phe	Asn	Thr	His	Pro	Tyr	Val	Ala	Ala	Pro	Ile	Met	Gly	Val	Thr	Leu
65					70					75					80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly

100					105					110					
Asp	Pro	Val	Phe	Trp	Phe	Thr	Ile	Arg	Pro	Ile	Leu	Gly	Ala	Leu	Gly
		115					120					125			
Ala	Ser	Leu	Ala	Gln	Ser	Gly	Asn	Ile	Ala	Gly	Pro	Leu	Ile	Phe	Phe
	130					135					140				
Ile	Gly	Trp	Asn	Leu	Ile	Arg	Met	Thr	Phe	Leu	Trp	Tyr	Thr	Gln	Glu
145						150					155				160
Leu	Gly	Tyr	Lys	Ala	Gly	Ser	Glu	Ile	Thr	Lys	Asp	Met	Ser	Gly	Gly
				165					170					175	
Ile	Leu	Lys	Asp	Ile	Thr	Lys	Gly	Ala	Ser	Ile	Leu	Gly	Met	Phe	Ile
			180					185					190		
Leu	Ala	Val	Leu	Val	Glu	Arg	Trp	Val	Ser	Val	Val	Phe	Thr	Val	Lys
		195					200					205			
Leu	Pro	Gly	Lys	Val	Leu	Pro	Lys	Gly	Ala	Tyr	Ile	Glu	Trp	Pro	Lys
	210					215					220				
Gly	Tyr	Val	Thr	Gly	Asp	Gln	Leu	Lys	Thr	Ile	Leu	Gly	Gln	Val	Asn
225						230					235				240
Asp	Lys	Leu	Ser	Phe	Asp	Lys	Ile	Gln	Val	Asp	Thr	Leu	Gln	Lys	Gln
				245					250					255	
Leu	Asp	Ser	Leu	Ile	Pro	Gly	Leu	Thr	Gly	Leu	Leu	Leu	Thr	Phe	Ala
			260					265					270		
Cys	Met	Trp	Leu	Leu	Lys	Lys	Lys	Val	Ser	Pro	Ile	Thr	Ile	Ile	Ile
		275					280					285			
Gly	Leu	Phe	Val	Val	Gly	Ile	Val	Ala	Ser	Phe	Phe	Gly	Ile	Met	
	290					295					300				
<210>	242														
<211>	912														
<212>	ADN														

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 242

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
60

ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcataga gggttaccta
240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccct tgggtgatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttacc cgcattggct tcttggtgta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatat ctggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcatcttgg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 243

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 243

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ala Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
 20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
 35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
 50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Ile Glu Val Thr Leu
 65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
 100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
 130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
 145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys

195 200 205
 Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

 Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

 Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

 Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

 Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

 <210> 244
 <211> 912
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

 <400> 244
 atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacaa
 60

 ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

 attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
 180

 cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagatgctc ctatcatggg ggttacctta
 240

 gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
 300

 aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
 360

 cgtccaattc ttggtgccct tgggtgatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
 420

cttatcttct tcattgggtg gaaccttata cgcattggcct tcttggtgta cactcaagaa
480

cttggttaca aagcaggttc agaatcact aaagacatat ctgggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcatcttgg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccaggtt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattggtgc aagtttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 245
<211> 303
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 245

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ala	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Glu	Phe
	50					55					60				

Phe	Asn	Thr	His	Pro	Tyr	Val	Asp	Ala	Pro	Ile	Met	Gly	Val	Thr	Leu
65					70					75					80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met

290 295 300

<210> 246
<211> 912
<212> ADN
<213> *Streptococcus thermophilus*

<400> 246
atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aggtttggtg gcgctcacia
60
ttcttgcaag gtgcatggaa ctatgaacgt atgcaaaaact tgggttgggc ttactcactc
120
attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggacc aagccgcagc tcttaaactg
180
cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatagg ggttacctta
240
gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaaggggtt
300
aaaatcggta tgatgggtcc acttgccggt atcgggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360
cgtccaattc ttggtgccct tgggtgcatca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420
cttatcttct tcattgggtg gaaccttacc cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
480
cttggttaca aagcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctgggtggtat cttgaaagat
540
attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg ccgtcctcgt tgaacgttgg
600
gtatctgtcg tcttactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660
gaatggccaa aaggatatgt tactggtgac caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720
gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780
attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840
gtttcaccaa tcacaatcat catcggtc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 247
<211> 303
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 247

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

Trp Arg Ser Gln Phe Leu Gln Gly Ala Trp Asn Tyr Glu Arg Met Gln
20 25 30

Asn Leu Gly Trp Ala Tyr Ser Leu Ile Pro Ala Ile Lys Lys Leu Tyr
35 40 45

Thr Asn Lys Glu Asp Gln Ala Ala Ala Leu Lys Arg His Leu Glu Phe
50 55 60

Phe Asn Thr His Pro Tyr Val Ala Ala Pro Ile Ile Gly Val Thr Leu
65 70 75 80

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

Ile Gln Gly Val Lys Ile Gly Met Met Gly Pro Leu Ala Gly Ile Gly
100 105 110

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

Ala Ser Leu Ala Gln Ala Gly Asn Ile Ala Gly Pro Leu Ile Phe Phe
130 135 140

Ile Gly Trp Asn Leu Ile Arg Met Ala Phe Leu Trp Tyr Thr Gln Glu
145 150 155 160

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

Ile Leu Lys Asp Ile Thr Lys Gly Ala Ser Ile Leu Gly Met Phe Ile
 180 185 190

Leu Ala Val Leu Val Glu Arg Trp Val Ser Val Val Phe Thr Val Lys
 195 200 205

Leu Pro Gly Lys Val Leu Pro Lys Gly Ala Tyr Ile Glu Trp Pro Lys
 210 215 220

Gly Tyr Val Thr Gly Asp Gln Leu Lys Thr Ile Leu Gly Gln Val Asn
 225 230 235 240

Asp Lys Leu Ser Phe Asp Lys Ile Gln Val Asp Thr Leu Gln Lys Gln
 245 250 255

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 248
 <211> 912
 <212> ADN
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 248
 atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtagaa aggtttggtg gcgctcacia
 60

ttcttgcaag gttcatggaa ctatgaacgt atgcaaaact tgggttgggc ttactcactc
 120

attcctgcta tcaaaaaact ttatactaac aaagaggatc aagccgcagc tcttaaactg
 180

cacttggaat tcttcaacac tcacccttac gtagctgctc ctatcatggg gggttacctta
 240

gctcttgaag aagaaaaagc taatggtact gaaatcgaag atgcggctat ccaagggggt
 300

aaaatcggta tgatgggtcc acttgcaggt atcggtgacc ctgtcttctg gttcacaatt
360

cgtccaattc ttggtgccat tgggtgcttca ttggcacaag ctggtaacat tgctgggtcca
420

cttatcttct tcattggttg gaaccttatc cgcattggcct tcttgtggta cactcaagaa
480

cttggttaca aatcagggtc agaaatcact aaagacatgt ctggtggtat cttgaaagat
540

attactaaag gggcatcaat acttggtatg ttcattcttg cgcctcctgt tgaacggttg
600

gtatctgtcg tcttcactgt aaagcttcca ggtaaagttt tgcctaaagg tgcttatatt
660

gaatggccaa aaggatatgt tactggtgat caactaaaaa ctatccttgg tcaagtcaac
720

gataagctta gctttgataa gattcaagtc gataccctac aaaaacaatt ggattcatta
780

attccagggt tgacgggact tctccttact tttgcatgta tgtggttgct taagaagaaa
840

gtttcaccaa tcacaatcat catcggactc tttgtagttg gtattgttgc aagcttcttc
900

ggaatcatgt aa
912

<210> 249

<211> 303

<212> PRT

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 249

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

Trp	Arg	Ser	Gln	Phe	Leu	Gln	Gly	Ser	Trp	Asn	Tyr	Glu	Arg	Met	Gln
			20					25					30		

Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Tyr	Ser	Leu	Ile	Pro	Ala	Ile	Lys	Lys	Leu	Tyr
		35					40					45			

Thr	Asn	Lys	Glu	Asp	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Lys	Arg	His	Leu	Glu	Phe
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

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

Cys Met Trp Leu Leu Lys Lys Lys Val Ser Pro Ile Thr Ile Ile Ile
 275 280 285

Gly Leu Phe Val Val Gly Ile Val Ala Ser Phe Phe Gly Ile Met
 290 295 300

<210> 250

<211> 913

<212> ADN

<213> Streptococcus thermophilus

<400> 250

atggctgaaa aaattcaatt atctcaagcg gatcgtaaaa aaggtttggt ggcgctcaca
 60

attcttgcaa ggtgcatgga actatgaacg tatgcaaaac ttgggttggg cttactcact
 120

cattcctgct atcaaaaaac tttatactaa caaagaggac caagccgcag ctcttaaacy
 180

tcacttgga ttcttcaaca ctcaccctta cgtagctgct cctatcatag ggggttacctt
 240

agctcttgaa gaagaaaaag ctaatggtac tgaaatcgaa gatgcggcta tccaaggggt
 300

taaaatcggg atgatgggtc cacttgccgg tatcggtgac cctgtcttct ggttcacaat
 360

tcgtccaatt cttggtgccc ttggtgcac attggcacia gctggtaaca ttgctggtcc
 420

acttatcttc ttcattgggt ggaaccttat cgcgatggcc ttcttgtggt aactcaaga
 480

acttggttac aaagcagggt cagaaatcac taaagacata tctggtggta tcttgaaaga
 540

tattactaaa ggggcatcaa tacttggtat gttcatcttg gccgtcctcg ttgaacgttg
 600

ggatatctgc gtcttcaactg taaagcttcc aggtaaagtt ttgcctaaag gtgcttatat
 660

tgaatggcca aaaggatatg ttactggtga ccaactaaaa actatccttg gtcaagtcaa
 720

cgataagctt agctttgata agattcaagt cgatacccta caaaaacaat tggattcatt
 780

aattccaggt ttgacgggac ttctccttac ttttgcattgt atgtgggtgc ttaagaagaa
840

agtttcacca atcacaatca tcatcggact cttttagtgg ggtattgttg caagcttctt
900

cggaatcatg taa
913

<210> 251
<211> 28
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 251

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

Val	Ala	Leu	Thr	Ile	Leu	Ala	Arg	Cys	Met	Glu	Leu
			20					25			

<210> 252
<211> 28
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 252

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

Val	Ala	Leu	Thr	Ile	Leu	Ala	Arg	Phe	Met	Glu	Leu
			20					25			

<210> 253
<211> 28
<212> PRT
<213> Streptococcus thermophilus

<400> 253

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

Val	Ala	Leu	Thr	Ile	Leu	Ala	Arg	Phe	Met	Glu	Leu
			20					25			

<210> 254
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 254

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

Val Ala Leu Thr Ile Leu Ala Arg Phe Met Glu Leu
 20 25

<210> 255
 <211> 28
 <212> PRT
 <213> Streptococcus thermophilus

<400> 255

Met Ser Glu Lys Ile Gln Leu Ser Gln Ala Asp His Lys Lys Gly Leu
 1 5 10 15

Val Ala Leu Thr Ile Leu Ala Arg Phe Met Glu Leu
 20 25

<210> 256
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo

<220>
 <223> Đoạn mồi Oligonucleotit

<400> 256
 caggtatgag ttttagcaacg g
 21

<210> 257
 <211> 21
 <212> ADN
 <213> Trình tự nhân tạo

<220>
 <223> Đoạn mồi Oligonucleotit

<400> 257

agttcaatct tcacatctc g
21

<210> 258
<211> 20
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 258
gtagccacat tggctctgac
20

<210> 259
<211> 20
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 259
ttgctgaagc tacagtttcc
20

<210> 260
<211> 20
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 260
taagcaagac tagcagctcc
20

<210> 261
<211> 20
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 261
ttgcgtagtc gtgttgaagg
20

<210> 262
<211> 21
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 262
attgtccctt cataagcatc g
21

<210> 263
<211> 20
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 263
cgaactgggt gcagatgatg
20

<210> 264
<211> 19
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 264
attcaccacg gcctgagac
19

<210> 265
<211> 20
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mỗi Oligonucleotit

<400> 265
gaagcagttt ggggtagtag
20

<210> 266
<211> 20
<212> ADN
<213> Trình tự nhân tạo

<220>
<223> Đoạn mồi Oligonucleotit

<400> 266
gagttatcta caggagctgg
20

1/3

DGCC7710 MSKKLLGIDLGTTVKFGILTADGEVQEKWAIETNTFENGSHIVPDIVESLKHRLELYG
 DSM32587 MSKKLLGIDLGTTVKFGILTADGEVQEKWAIETNTFENGSHIVPDIVESLKHRLELYG
 ST1m-*glcK0*-gal+ MSKKLLGIDLGTTVKFGILTADGEVQEKWAIETNTFENGSHIVPDIVESLKHRLELYG

LTAEDFIGIGMGSPGAVDRENKTVTGAFNLNWAETQEVGSVIEKELGIPFAIDNDANVAALGERWVGAGAN
 LTAEDFIGIGMGSPGAVDRENKTVTGAFNLNWAETQEVGSVIEKELGIPFAIDNDANVAALGERWVGAGAN
 LTAEDFIGIGMGSPGAVDRENKTVTGAFNLNWAETQEVGSVIEKELGIPFAIDNDANVAALGERWVGAGAN

NRNVVFITLGTGVGGGVIADGNLIHG VAGAGGEIGHIIVEPDTGFECTCGNKG CLETVASATGIVRVAHH
 NRNVVFITLGTGVGGGVIADGNLIHG VAGAGGEIGHIIVEPDTGFECTCGNKG CLETVASATGIVRVAHH
 NRNVVFITLGTGVGGGVIADGNLIHG VAGAGGEIGHIIVEPDTGFECTCGNKG CLETVASATGIVRVAHH

LAEKYEGNSSIKA AAVDNGEFVTSKDIIVAATEGDKFADSIVDKVSKYLGLATANISNILNPDSV VIGGGV
 LAEKYEGNSSIKA AAVDNGEFVTSKDIIVAATEGDKFADSIVDKVSKYLGLATANISNILNPDSV VIGGGV
 LAEKYEGNSSIKA AAVDNGEFVTSKDIIVAATEGDKFADSIVDKVSKYLGLATANISNILNPDSV VIGGGV

SAAGEFLRSRVEGYFTRYAFPQVRRRTTKVKLAELGNDAGIIGAASLAYSIDK
 SAAGEFLRSRVEGYFTRYAFPQVRRRTTKVKLAELGNDAGIIGAASLAYSIDK
 SAAGEFLRSRVEGYFTRYAFPQVRRRTTKVKLAELGNDAGIIGAASLAYSIDK

Fig 1.

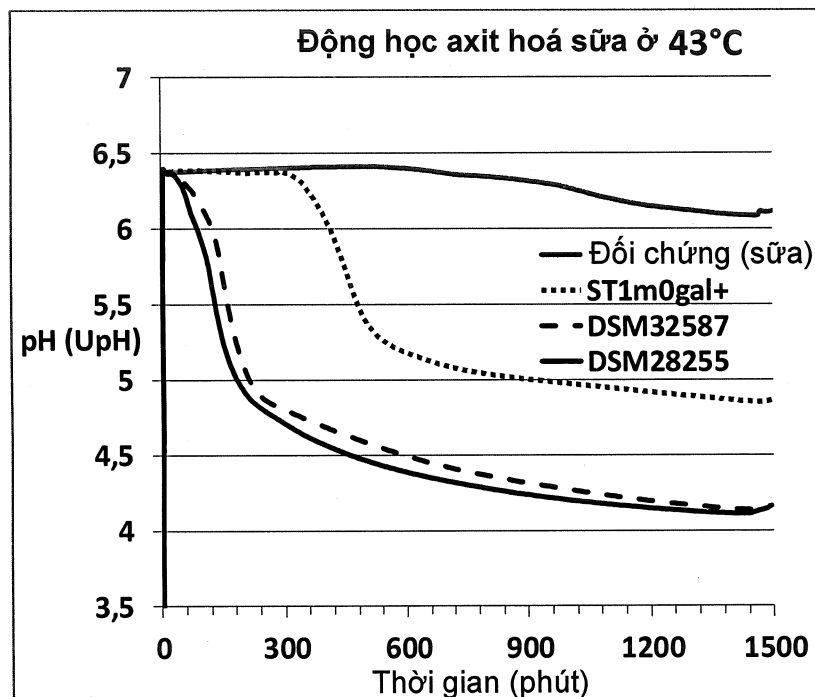
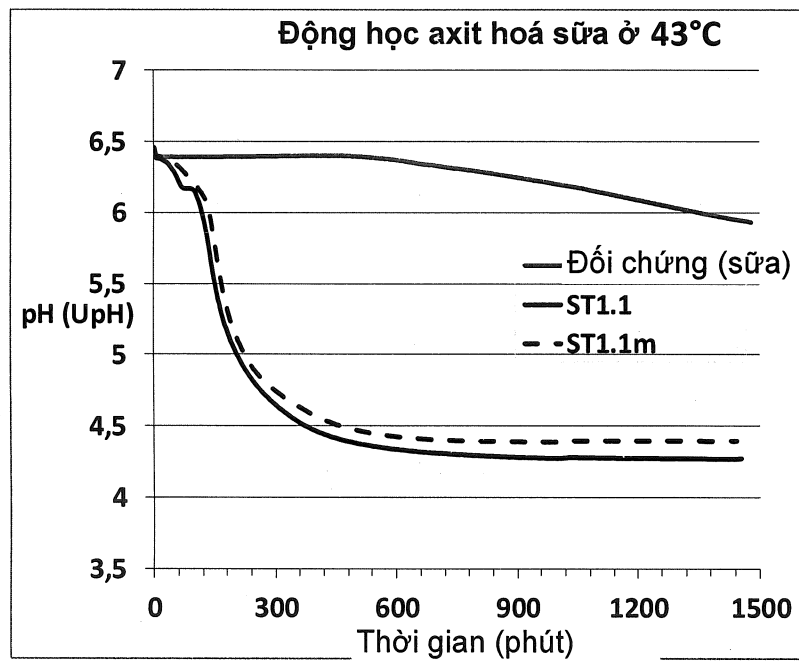


Fig 2.

2/3

A.



B.

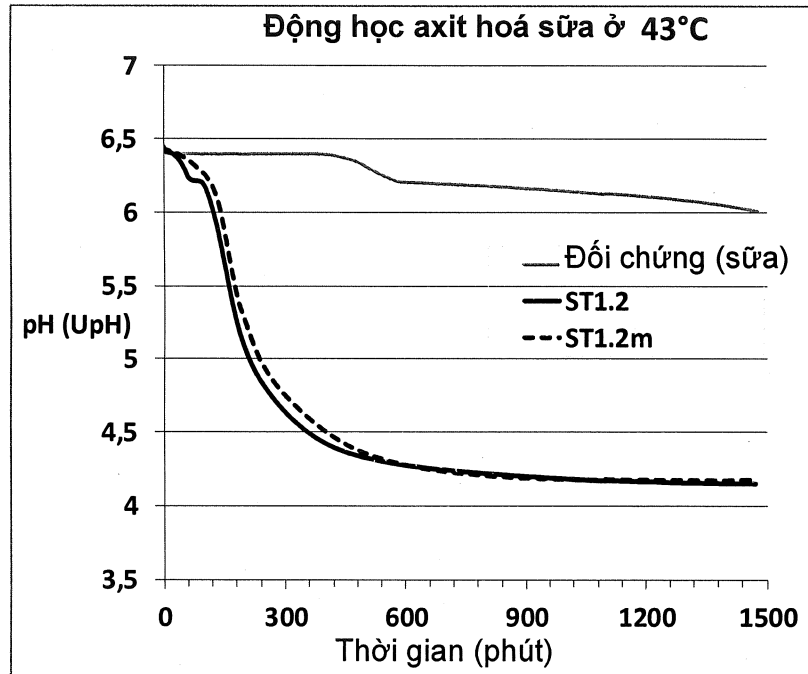


Fig 3.

3/3



Fig 4.