

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 812 674**

51 Int. Cl.:

C12N 1/18 (2006.01)

C12N 15/01 (2006.01)

C12N 15/04 (2006.01)

C12N 9/44 (2006.01)

C12C 11/02 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **22.12.2015 PCT/DK2015/050413**

87 Fecha y número de publicación internacional: **30.06.2016 WO16101960**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **22.12.2015 E 15823588 (7)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **13.05.2020 EP 3237601**

54 Título: **Levadura para preparar bebidas alcohólicas**

30 Prioridad:

23.12.2014 DK 201470825

08.06.2015 DK 201570351

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
17.03.2021

73 Titular/es:

CARLSBERG BREWERIES A/S (100.0%)

J.C. Jacobsens Gade 1

1799 Copenhagen V, DK

72 Inventor/es:

SOLODOVNIKOVA, NATALIA Y.;

ANDERSEN, JEPPE FRANK;

GARCIA SANCHEZ, ROSA y

GOJKOVIC, ZORAN

74 Agente/Representante:

PONS ARIÑO, Ángel

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 812 674 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Levadura para preparar bebidas alcohólicas

5 Antecedentes de la invención

Las bebidas alcohólicas se preparan frecuentemente mediante fermentación de un líquido rico en carbohidratos con levadura. Por ejemplo, la cerveza se prepara fermentando mosto con levadura. El mosto contiene varios compuestos que pueden ser utilizados por la levadura. Por ejemplo, el mosto es rico en azúcares, en particular maltosa, así como en aminoácidos y péptidos pequeños. La levadura convencional puede utilizar maltosa y, por tanto, la levadura convencional puede fermentar maltosa para producir etanol. Sin embargo, el mosto también contiene otros carbohidratos además de la maltosa, algunos de los cuales no pueden ser utilizados por la levadura convencional, y en particular no por la levadura Lager.

La levadura Lager, en general, difiere de la levadura Ale de varias formas. La levadura Lager pertenece a la especie *S. pastorianus*. Frecuentemente, la levadura Lager también se denomina "levadura de fermentación inferior" porque sedimenta en el fondo durante la fermentación. Asimismo, las cepas de levadura Lager se usan mejor a temperaturas que oscilan entre 7 y 15 °C. Además, la levadura Lager es capaz de usar melibiosa como única fuente de carbono y no puede crecer a 37 °C.

Por el contrario, la levadura Ale pertenece a la especie *S. cerevisiae*. Frecuentemente, la levadura Ale también se denomina "levadura de fermentación superior" porque con frecuencia asciende a la superficie durante la fermentación. Asimismo, las cepas de levadura Ale se usan mejor a temperaturas que oscilan entre 10 y 25 °C, aunque algunas cepas no fermentarán activamente por debajo de 12 °C. Además, la levadura Ale no es capaz de usar melibiosa como única fuente de carbono y puede crecer a 37 °C.

También se puede emplear otra levadura en la fabricación de cerveza, p. ej., *Saccharomyces diastaticus*. *Saccharomyces diastaticus* pertenece a la variedad de especie *Saccharomyces cerevisiae* (var.) *diastaticus* y tiene la particularidad de tener actividad enzimática de glucoamilasa codificada por al menos uno de los genes siguientes STA1, STA2 o STA3, lo que permite a la levadura utilizar almidón como única fuente de carbono. Los genes STA están en general ausentes en *S. cerevisiae* o *S. pastorianus* u otras cepas de especies de *Saccharomyces* analizadas, pero están presentes en el subgrupo de *S. cerevisiae* var. *diastaticus*.

Deng y col., 2014, FEBS Open Bio 4, 200-212 describen similitudes y diferencias en las propiedades bioquímicas y enzimáticas de cuatro isomaltasas de *Saccharomyces cerevisiae*. Más específicamente, Deng y col. estudian su diversidad funcional, con una caracterización exhaustiva *in vitro* de sus propiedades enzimáticas y bioquímicas.

Sánchez y col., 2012, Yeast, 29:343-355 describen que el fitomejoramiento de levadura Lager con *Saccharomyces cerevisiae* mejora la resistencia al estrés y el rendimiento de la fermentación.

Resumen

Hay una necesidad de cepas de levadura mejoradas, que tengan características tanto de levadura Lager (p. ej., *S. pastorianus*) como de levadura Ale (p. ej., *S. cerevisiae*). Además, hay una necesidad de cepas de levadura que puedan utilizar tantas fuentes de energía diferentes como sea posible. En particular, hay una necesidad de levaduras que puedan utilizar azúcares presentes en el mosto que no sean la maltosa y de levadura que pueda utilizar aminoácidos y péptidos en un grado alto.

Interesantemente, la invención proporciona una levadura híbrida, que tiene varias características importantes de la levadura Lager, pero que al mismo tiempo puede utilizar muchas fuentes de energía diferentes presentes en el mosto.

Por consiguiente, un aspecto de la invención es proporcionar una célula de levadura que tiene las características y los genotipos siguientes:

característica II: capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono; y

genotipo IV: que comprende al menos 3 genes que codifican IMA1p, donde IMA1p se selecciona del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13, IMA1p de SEQ ID NO: 14, IMA1p de SEQ ID NO: 15, IMA1p de SEQ ID NO: 21, IMA1p de SEQ ID NO: 22, IMA1p de SEQ ID NO: 23, IMA1p de SEQ ID NO: 24, IMA1p de SEQ ID NO: 25 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas; y

genotipo VI: que comprende al menos 2 genes que codifican AGT1 seleccionada del grupo que consiste en AGT1 de SEQ ID NO: 18, AGT1 de SEQ ID NO: 19, AGT1 de SEQ ID NO: 20, AGT1 de SEQ ID NO: 27, AGT1 de SEQ ID NO: 28, AGT1 de SEQ ID NO: 30, AGT1 de SEQ ID NO: 31, AGT 1 de SEQ ID NO: 32 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas; y

característica VIII: capaz de utilizar melibiosa como única fuente de carbono.

Además de la característica II antes mencionada, la célula de levadura según la invención puede tener características adicionales, por ejemplo, una o más de las características siguientes:

- 5 I. capaz de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono;
- III. capaz de utilizar uno o más dipéptidos como única fuente de nitrógeno;
- IV. capaz de utilizar uno o más tripéptidos como única fuente de nitrógeno;
- 10 V. capaz de reducir el nivel de uno o más aminoácidos a un máximo de 10 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura;
- 15 VI. capaz de generar al menos 4,7 por mil de etanol por °Plato cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones; y/o
- VII. capaz de fermentar azúcar con un grado real de fermentación de al menos 70 cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones.
- 20

También se describe una célula de levadura que tiene al menos una de las características siguientes:

- II. capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono;
- 25 III. capaz de utilizar uno o más dipéptidos como única fuente de nitrógeno.

También es un aspecto de la invención proporcionar una célula de levadura que tiene la característica:

II. capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono.

- 30 Además de la característica II antes mencionada, la célula de levadura según la invención puede tener características adicionales, por ejemplo, una o más de las características siguientes:

- I. capaz de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono;
- IV. capaz de utilizar uno o más tripéptidos como única fuente de nitrógeno;
- 35 V. capaz de reducir el nivel de uno o más aminoácidos a un máximo de 10 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura;
- VI. capaz de generar al menos 4,7 por mil de etanol por °Plato cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones; y/o
- 40 VII. capaz de fermentar azúcar con un grado real de fermentación de al menos 70 cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones.

También es un aspecto de la invención proporcionar procedimientos para producir una bebida, comprendiendo dichos procedimientos las etapas de

- I. proporcionar un líquido de partida
- II. proporcionar una célula de levadura según la invención
- III. fermentar dicho líquido de partida con dicha célula de levadura.

50

Descripción de los dibujos

La figura 1 muestra el crecimiento de diversas cepas de levadura en medio definido con 2 g/L de panosa como única fuente de carbono. Los datos mostrados son representativos de réplicas biológicas. El panel A) muestra el crecimiento

de levadura Ale 1, levadura híbrida 1, levadura híbrida 4 y levadura Lager 1. El panel B) muestra el crecimiento de levadura Ale 1, levadura híbrida 7 y levadura Lager 2. El panel C) muestra el crecimiento de *S. diastaticus* y levadura híbrida 8.

- 5 La figura 2 muestra el crecimiento de levadura en medio definido con 2 g/L de isomaltosa como única fuente de carbono. Los datos mostrados son representativos de réplicas biológicas. El panel A) muestra el crecimiento de levadura Ale 1, levadura híbrida 1, levadura híbrida 4 y levadura Lager 2. El panel B) muestra el crecimiento de levadura Ale 1, levadura híbrida 7 y levadura Lager 1. El panel C) muestra el crecimiento de *S. diastaticus* y levadura híbrida 8.

- 10 La figura 3 muestra el crecimiento de células de levadura en medio definido de Bioscreen C MBR con 2 g/L de melibiosa como única fuente de carbono. El panel A muestra el crecimiento de levadura híbrida 1 y levadura híbrida 4. El panel B muestra el crecimiento de levadura híbrida 7.

- 15 La figura 4 muestra un análisis de RMN de los azúcares individuales en la fabricación final de cerveza embotellada en comparación con cerveza fabricada con levadura Lager 1 y levadura híbrida 1.

La figura 5 muestra una alineación de proteínas de *DAL5* de levadura Ale 1, levadura Lager 1 y levadura híbrida 1. La secuencia de *DAL5* de levadura híbrida 1 se simboliza Sc_DAL5_Hybrid_1 (SEQ ID NO: 6).

- 20 La figura 6 muestra una alineación de proteínas de UBR1 codificada por alelos Sc de UBR1 que ilustra la presencia de un alelo Sc de levadura Lager 1 en la levadura híbrida 1, mientras que en la levadura Ale 1 está truncado. Solo se muestra parte de la alineación; los residuos en sombreados en negro difieren de la secuencia de la levadura híbrida 1.

- 25 La figura 7 muestra una alineación de proteínas de UBR1 codificada por alelos *no* Sc de UBR1 que ilustra la presencia de un alelo Sc de levadura Lager 1 en la levadura híbrida 1.

- 30 La figura 8 muestra una alineación de proteínas de IMA1p codificada por alelos cortos de *IMA1*. Las IMA1p codificadas por los alelos cortos de *IMA1* encontrados en la levadura híbrida 1 se simbolizan IMA1_Sc_allele_short_A_Hybrid_1 y IMA1_Sc_allele_short_B_Hybrid_1, respectivamente.

- 35 La figura 9 muestra una alineación de proteínas de IMA1p codificada por alelos largos de *IMA1*. La figura 9A muestra una alineación de IMA1p codificada por alelos largos de levadura Ale 1, levadura Lager 1 y levadura híbrida 1. Las IMA1p codificadas por los alelos largos de *IMA1* encontrados en la levadura híbrida 1 se simbolizan LONG_IMA1_A_Hyb1_pl17 y LONG_IMA1_B_Hyb1_pl18, respectivamente. La figura 9B muestra una alineación de IMA1p codificada por alelos largos de levadura Ale 1, levadura Lager 2, levadura híbrida 4 y levadura híbrida 7.

- 40 La figura 10 muestra una alineación de proteínas de IMA5p codificada por genes de *tipo IMA5*. Las IMA5p codificadas por los *genes de tipo IMA5* encontrados en la levadura híbrida 1 se simbolizan ScIMA5_Hybrid1_pl1 y non-ScIMA5_Hybrid1, respectivamente.

- 45 La figura 11 muestra una alineación de proteínas de AGT1 codificada por alelos Sc de AGT1. La figura 11A muestra una alineación de AGT1 codificada por alelos Sc de AGT1 de levadura Lager 1, levadura Ale 1 y levadura híbrida 1. Las AGT1 codificadas por los *AGT1* encontrados en la levadura híbrida 1 se simbolizan Sc_AGT1_Hybrid1_pl37, Sc_AGT1_Hybrid1_pl38 y Sc_AGT1_Hybrid1_pl39, respectivamente. La figura 11B muestra una alineación de AGT1 codificada por alelos Sc de AGT1 de levadura Lager 2, levadura Ale 1, levadura híbrida 4 y levadura híbrida 7.

- 50 La figura 12 muestra una alineación de proteínas de AGT1 codificada por alelos *no* Sc de AGT1. La figura 12A muestra una alineación de AGT1 codificada por alelos *no* Sc de AGT1 de levadura Lager 1 y levadura híbrida 1. La AGT1 codificada por el *AGT1* encontrado en la levadura híbrida 1 se simboliza Non-Sc_AGT1_Hybrid1. La figura 12A muestra una alineación de AGT1 codificada por alelos *no* Sc de AGT1 de levadura Lager 1, levadura Lager 2, levadura híbrida 1, levadura híbrida 4 y levadura híbrida 7.

- 55 La figura 13 muestra el crecimiento de levadura en medio definido con 2 g/L de maltotriosa como única fuente de carbono. Los datos mostrados son representativos de réplicas biológicas.

La figura 14 muestra el crecimiento de levadura en medio definido con 2 g/L de maltulosa como única fuente de carbono. Los datos mostrados son representativos de réplicas biológicas.

- 60 La figura 15 muestra el crecimiento de levadura en medio definido con 2 g/L de coibiosa como única fuente de carbono. Los datos mostrados son representativos de réplicas biológicas.

La figura 16 muestra el extracto aparente en función del tiempo durante la fermentación de mosto con levadura Lager 2, levadura híbrida 4 y levadura híbrida 7.

5 Descripción detallada

Definiciones

Como se emplea en esta invención, “un/a” puede significar uno/a o más de uno/a en función del contexto en el que se usa.

El término “EA”, como se emplea en esta invención, es una abreviatura de “extracto aparente”. El “extracto aparente” es una medida de la densidad del mosto de cerveza en términos del porcentaje de extracto en peso y se expresa en la escala Plato. Es la densidad final o densidad relativa medida al final de la fermentación de la cerveza. La densidad en el contexto de las bebidas alcohólicas se refiere a la densidad relativa del líquido en comparación con el agua. Cuantos más azúcares haya disueltos en el mosto, más alta será la densidad del mosto.

Los aminoácidos se pueden nombrar en esta invención usando los códigos de una letra y tres letras de la IUPAC.

El término “cerveza”, como se emplea en esta invención, se refiere a una bebida preparada mediante fermentación de mosto. preferiblemente, dicha fermentación es realizada por una levadura.

El término “fuente de carbono”, como se emplea en esta invención, se refiere a cualquier molécula orgánica que puede proporcionar energía a la levadura y proporcionar carbono para la biosíntesis celular. En particular, dicha fuente de carbono pueden ser carbohidratos, y más preferiblemente, la fuente de carbono pueden ser mono- y/o disacáridos.

El término “células en suspensión” se emplea en esta invención en relación con la incubación de células en un medio líquido en un recipiente. Las “células en suspensión” son células que no han sedimentado en el fondo del recipiente después de la incubación, sino que flotan libremente en el medio líquido. Las células en suspensión se pueden determinar tomando una muestra del medio líquido de la parte superior del recipiente y contando las células en la misma.

La expresión “el diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones” se refiere al nivel de diacetilo que está por debajo de un umbral predefinido, que se fija a un nivel por debajo del umbral considerado como sabor desagradable en la cerveza Lager. preferiblemente, se considera que el diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones cuando el nivel de diacetilo es como máximo 30 ppb.

Por “que codifica” o “codificada”, en el contexto de un ácido nucleico especificado, se entiende que comprende la información para la traducción a la proteína especificada. Un ácido nucleico o polinucleótido que codifica una proteína puede comprender secuencias no traducidas, p. ej., intrones, dentro de regiones traducidas del ácido nucleico, o puede carecer de tales secuencias intermedias no traducidas, p. ej., en el ADNc. La información mediante la cual se codifica una proteína se especifica mediante el uso de codones.

Como se emplea en esta invención, “expresión”, en el contexto de los ácidos nucleicos, se debe entender como la transcripción y acumulación de ARNm codificante o ARN no codificante procedente de un fragmento de ácido nucleico. La “expresión” usada en el contexto de las proteínas se refiere a la traducción de ARNm en un polipéptido.

El término “gen” significa el segmento de ADN implicado en la producción de una cadena polipeptídica; incluye regiones que preceden y siguen a la región codificante (promotor y terminador). Asimismo, algunos genes de levadura también comprenden intrones, aunque solo 5 % de los genes en el genoma de *S. cerevisiae* comprenden intrones. Después de la transcripción a ARN, los intrones se retiran mediante corte y empalme para generar un ARN mensajero maduro (ARNm).

El término “crecimiento”, como se emplea en esta invención, en relación con la levadura, se refiere al procedimiento mediante el cual se multiplican las células de una levadura. Por tanto, cuando las células de levadura crecen, aumenta el número de células de levadura. El número de células de levadura se puede determinar mediante cualquier procedimiento útil, p. ej., determinando la DO (620 nm). El aumento de la DO (620 nm) corresponde a un aumento en el número de células de levadura. Las condiciones que permiten el crecimiento de la levadura son condiciones que permiten que aumente el número de células de levadura. Tales condiciones, en general, requieren la presencia de nutrientes adecuados, p. ej., una fuente de carbono y una fuente de nitrógeno, así como una temperatura adecuada, que habitualmente está en el intervalo de 5 a 40 °C.

El término “fuente de nitrógeno”, como se emplea en esta invención, se refiere a cualquier molécula que contiene nitrógeno orgánico y/o a moléculas que contienen amonio. En particular, dicha fuente de nitrógeno puede ser una fuente de nitrógeno orgánico, por ejemplo péptidos, aminoácidos y/u otras aminas. La fuente de nitrógeno también puede ser amonio. Por tanto, N_2 no se considera una “fuente de nitrógeno” en esta invención.

5

El término “malta” se refiere a granos de cereal que han sido malteados. El malteado es una forma especial de germinación de los granos de cereal (p. ej., granos de cebada) que tiene lugar en condiciones ambientales controladas, que incluyen, pero no se limitan a, tanques de remojo y cajones de germinación de la fábrica de malteado. En general, el malteado implica el remojo de dichos granos, seguido de germinación. El procedimiento de malteado se puede
10 detener secando los granos de cereal (p. ej., granos de cebada), por ejemplo, en un procedimiento de secado en horno, que normalmente se realiza a temperaturas elevadas. La malta se puede procesar, por ejemplo, mediante molienda y, por tanto, se denomina “malta molida” o “harina de malta”.

La “maceración” es la incubación de malta molida en agua. La maceración se realiza preferiblemente a una
15 temperatura específica y en un volumen específico de agua. La temperatura y el volumen de agua son importantes, ya que afectan a la velocidad de reducción de la actividad enzimática procedente de la malta y, por tanto, especialmente a la cantidad de hidrólisis del almidón que se puede producir; la acción de las proteasas también puede ser importante. La maceración se puede producir en presencia de adjuntos, que se entiende que comprenden cualquier fuente de carbohidratos distinta de la malta, tal como, pero no limitada a, cebada, almíbares de cebada, o maíz, o
20 arroz, indistintamente como granos enteros o como productos procesados como sémola, almíbares o almidón. Todos los adjuntos antes mencionados se pueden usar principalmente como una fuente adicional de extracto (los almíbares se dosifican habitualmente durante el calentamiento del mosto). Los requisitos para procesar el adjunto en la fábrica de cerveza dependen del estado y tipo de adjunto usado, y en particular de las temperaturas de gelatinización o licuefacción del almidón. Si la temperatura de gelatinización es superior a la normal para la sacarificación de la malta,
25 entonces el almidón se gelatiniza y licúa antes de la adición a la masa de malta.

El término “°Plato”, como emplea en esta invención, se refiere a la densidad como se mide en la escala Plato. La escala Plato es una escala de hidrómetro obtenida empíricamente para medir la densidad de la cerveza o el mosto en términos de porcentaje de extracto en peso. La escala expresa la densidad como el porcentaje de azúcar en peso.

30

Por el término “mosto” se entiende un extracto líquido de malta, tal como malta molida, malta verde, o malta verde molida. En la fabricación de cerveza con cebada, el mosto también se puede preparar incubando un extracto de cebada sin maltear con una mezcla de enzimas que hidroliza los componentes de la cebada. Además de dichos extractos procedentes de la malta o la cebada, el extracto líquido se puede preparar a partir de malta y componentes adicionales
35 (p. ej., adjuntos), tales como material adicional que contiene almidón convertido parcialmente en azúcares fermentables. El mosto se obtiene, en general, mediante maceración, opcionalmente seguida de “lavado de bagazo”, en un procedimiento de extracción de azúcares residuales y otros compuestos a partir del bagazo después de macerar con agua caliente. El lavado de bagazo se lleva a cabo habitualmente en una cuba de filtración, un filtro de mosto u otro aparato para permitir la separación del agua extraída del bagazo. El mosto obtenido después de la maceración
40 se denomina generalmente “primer mosto”, mientras que el mosto obtenido después del lavado de bagazo se denomina generalmente “segundo mosto”. Si no se especifica, el término mosto puede ser primer mosto, segundo mosto o una combinación de ambos. Durante la producción convencional de cerveza, el mosto se hierve junto con el lúpulo, sin embargo, en esta invención se describen procedimientos para reducir la ebullición o evitar la ebullición del mosto. El mosto sin lúpulo también se puede denominar “mosto dulce”, mientras que el mosto hervido/calentado con
45 lúpulo se puede denominar “mosto hervido”.

La expresión “célula de levadura capaz de utilizar XX”, como se emplea en esta invención, se refiere a una célula de levadura que puede absorber y degradar XX.

50 La expresión “célula de levadura capaz de utilizar XX como única fuente de carbono”, como se emplea en esta invención, se refiere a una célula de levadura que puede crecer en un medio que contiene XX como única fuente de carbono. Por tanto, dicho medio preferiblemente no contiene ningún otro carbohidrato aparte de XX.

Célula de levadura

55

La presente invención se refiere a una célula de levadura que tiene las características II y VIII descritas más adelante en esta invención.

En particular, se prefiere que dicha célula de levadura tenga al menos las características I y II descritas más adelante
60 en esta invención.

También se prefiere que dicha célula de levadura tenga al menos la característica II descrita más adelante. También

se prefiere que la célula de levadura tenga al menos las características II y III descritas más adelante.

La característica I puede ser cualquiera de las características I descritas más adelante en la sección "Característica I" de esta invención. En particular, la característica I puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono.

La característica II puede ser cualquiera de las características V descritas más adelante en la sección "Característica II" de esta invención. En particular, la característica II puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono.

10 La característica III puede ser cualquiera de las características III descritas más adelante en la sección “Característica III” de esta invención. En particular, la característica III puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar dipéptidos como única fuente de nitrógeno.

15 La característica IV puede ser cualquiera de las características IV descritas más adelante en la sección "Característica IV" de esta invención. En particular, la característica IV puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar tripéptidos como única fuente de nitrógeno.

La característica V puede ser cualquiera de las características V descritas más adelante en la sección “Característica 20 III” de esta invención. En particular, la característica III puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de uno o más aminoácidos a un máximo de 10 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura.

La característica VI puede ser cualquiera de las características VI descritas más adelante en la sección "Característica VI" de esta invención. En particular, la característica VI puede ser que la célula de levadura es capaz de generar al menos 4,7 por mil de etanol por °Plato cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones.

30 La característica VII puede ser cualquiera de las características VII descritas más adelante en la sección “Característica VII” de esta invención. En particular, la característica VII puede ser que la célula de levadura es capaz de fermentar azúcar con un grado real de fermentación de al menos 70 cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones.

35 La característica XI puede ser cualquiera de las características XI descritas más adelante en la sección “Característica XI” de esta invención. En particular, la característica XI puede ser que la célula de levadura es capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria de como máximo 4 días.

40 La célula de levadura puede tener una o más de las características. Por tanto, la célula de levadura puede tener al menos dos, preferiblemente al menos tres, más preferiblemente al menos cuatro, aún más preferiblemente al menos cinco, tal como al menos 6, tal como todas las características I, II, III, IV, V, VI y VII. La célula de levadura también puede tener al menos dos, preferiblemente al menos tres, más preferiblemente al menos cuatro, aún más preferiblemente al menos cinco, tal como al menos 6, tal como todas las características I, II, III, IV, V, VI, VII y XI.

45 Por tanto, la célula de levadura puede tener las características I y II. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características I y III. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características I y IV. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características I y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características I y VI. La célula de levadura
50 también puede tener las características I y VII. La célula de levadura también puede tener las características I y XI. La célula de levadura también puede tener las características I, II y III. La célula de levadura también puede tener las características I, II y IV. La célula de levadura también puede tener las características I, II y V. La célula de levadura también puede tener las características I, II y VI. La célula de levadura también puede tener las características I, II y VII. La célula de levadura también puede tener las características I, II y XI. La célula de levadura también puede tener
55 las características I, II, III y IV. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III y V. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III y VI. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III y VII. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III y XI. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III, IV y V. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III, IV y VI. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III, IV y VII. La célula
60 de levadura también puede tener las características I, II, III, IV y XI. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III, IV, V y VI. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III, IV, V y VII. La célula de levadura también puede tener las características I, II, III, IV, V y XI. La célula de levadura también puede

[illegible]

IV, V y VI. La célula de levadura también puede tener las características III, IV, V y VII. La célula de levadura también puede tener las características III, IV, V y XI. La célula de levadura también puede tener las características III, IV, V, VI y VII. La célula de levadura también puede tener las características III, IV, V, VI y XI. La célula de levadura también puede tener las características III, IV, V, VI, VII y XI. La célula de levadura también puede tener las características III, V y VI. La célula de levadura también puede tener las características III, V y VII. La célula de levadura también puede tener las características III, V y XI. La célula de levadura también puede tener las características III, VI y VII. La célula de levadura también puede tener las características III, VI y XI. La célula de levadura también puede tener las características III, VII y XI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características IV y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características IV y VI. La célula de levadura también puede tener las características IV y VII. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características IV, V y VI. La célula de levadura también puede tener las características IV, V y VII. La célula de levadura también puede tener las características IV, V, VI y VII. La célula de levadura también puede tener las características IV, VI y VII. La célula de levadura también puede tener las características IV, VI y XI. La célula de levadura también puede tener las características IV, VI, VII y XI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener las características V y VI. La célula de levadura también puede tener las características V y VII. La célula de levadura también puede tener las características V y XI. La célula de levadura también puede tener las características V, VI y VII. La célula de levadura también puede tener las características V, VII y XI. La célula de levadura también puede tener las características VI y VII. La célula de levadura también puede tener las características VI y XI. La célula de levadura también puede tener las características VI, VII y XI. La célula de levadura también puede tener las características VII y XI.

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener todas las características I, II, III, IV, V, VI y VII. La célula de levadura descrita en esta invención puede tener todas las características I, II, III, IV, V, VI, VII y XI.

Además de las características indicadas anteriormente, las células de levadura pueden tener una o más características adicionales.

Por tanto, además de una o más de las características I, II, III, IV, V, VI, VII y/u XI, la célula de levadura también puede tener la característica VIII. La característica VIII puede ser cualquiera de las características VIII descritas más adelante en la sección "Característica VIII" de esta invención. En particular, la característica VIII puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar melibiosa como única fuente de carbono.

Además de una o más de las características I, II, III, IV, V, VI, VII, VIII y/u XI, la célula de levadura también puede tener la característica IX. La característica IX puede ser cualquiera de las características IX descritas más adelante en la sección "Característica IX" de esta invención. En particular, la característica IX puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar disacáridos y/o trisacáridos como única fuente de carbono.

Además de una o más de las características I, II, III, IV, V, VI, VII, VIII, IX y/u XI, la célula de levadura también puede tener la característica X. La característica X puede ser cualquiera de las características X descritas más adelante en la sección "Característica X" de esta invención. En particular, la característica X puede ser que la célula de levadura solo tiene un número bajo de células en suspensión.

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener todas las características I, II, III, IV, V, VI, VII, VIII, IX, X y XI.

La célula de levadura puede ser una célula de levadura de cualquier especie adecuada. En una realización preferida de la invención, la célula de levadura es un híbrido entre una célula de levadura de la especie *S. pastorianus* y una célula de levadura de la especie *S. cerevisiae*.

Característica I

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica I, donde la característica I es que la célula de levadura es capaz de utilizar isomaltosa. Por tanto, tras incubación en un medio que contiene isomaltosa, dicha célula de levadura es capaz de retirar al menos parte de dicha isomaltosa.

Más preferiblemente, la característica I es que la célula de levadura es capaz de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono. Por tanto, la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene isomaltosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún mono- y/o disacárido aparte de la isomaltosa, y más preferiblemente tal medio no contiene ningún carbohidrato aparte de la isomaltosa.

Aunque una célula de levadura sea capaz de fermentar isomaltosa, esto no significa necesariamente que dicha célula de levadura es capaz de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono. Por tanto, se prefiere que la célula de

levadura sea tanto capaz de utilizar isomaltosa como de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono.

En particular, la característica I puede ser que la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene en el intervalo de 1 a 5 g/L, por ejemplo, en el intervalo de 1 a 3 g/L, tal como 2 g/L, de isomaltosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún carbohidrato aparte de dicha concentración de isomaltosa.

Un procedimiento útil para determinar si una célula de levadura es capaz de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono se describe más adelante en el Ejemplo 5 de esta invención.

- 10 Las células de levadura que tienen la característica I, preferiblemente también tienen uno o más de los genotipos IV, V y VI, más preferiblemente todos los genotipos IV, V y VI descritos más adelante.

Característica II

- 15 La célula de levadura según la invención tiene la característica II, donde la característica II es que la célula de levadura es capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono. Por tanto, tras incubación en un medio que contiene panosa, dicha célula de levadura es capaz de retirar al menos parte de dicha panosa. preferiblemente, dicha célula de levadura es capaz de retirar (p. ej., capaz de fermentar) al menos 45 %, tal como al menos 50 %, por ejemplo, al menos 60 %, de la panosa en dicho medio. Dicho medio puede ser en particular mosto. preferiblemente, dicha célula de levadura es capaz de retirar la cantidad de panosa antes mencionada cuando se incuba en dicho mosto hasta que el diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones, p. ej., durante 4 a 6 días, p. ej., durante 5 días. La incubación puede ser, por ejemplo, de 16 a 18 °C. Por tanto, dicha célula de levadura puede ser capaz de retirar al menos 45 %, tal como al menos 50 %, por ejemplo, al menos 60 %, de la panosa presente en el mosto cuando se determina fermentando el mosto como se describe más adelante en el Ejemplo 5 de esta invención.

- 25 La célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene panosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún mono-, di- y/o trisacárido aparte de la panosa, y más preferiblemente tal medio no contiene ningún carbohidrato aparte de la panosa.

- 30 Aunque una célula de levadura sea capaz de fermentar panosa, esto no significa necesariamente que dicha célula de levadura es capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono. Una célula de levadura puede ser capaz tanto de utilizar panosa como de utilizar panosa como única fuente de carbono.

- En particular, la característica II puede ser que la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene en el intervalo de 1 a 5 g/L, por ejemplo, en el intervalo de 1 a 3 g/L, tal como 2 g/L, de panosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún carbohidrato aparte de dicha concentración de panosa.

Un procedimiento útil para determinar si una célula de levadura es capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono se describe más adelante en el Ejemplo 5 de esta invención.

- 40 Las células de levadura que tienen la característica II, preferiblemente también tienen uno o más de los genotipos IV, V y VI, más preferiblemente todos los genotipos IV, V y VI descritos más adelante.

Característica III

- 45 La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica III, donde la característica III es que la célula de levadura es capaz de utilizar dipéptidos. Por tanto, tras incubación en un medio que contiene dipéptidos, dicha célula de levadura es capaz de retirar al menos parte de dichos dipéptidos.

- 50 Más preferiblemente, la característica III es que la célula de levadura es capaz de utilizar dipéptidos como única fuente de nitrógeno. Por tanto, la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene dipéptidos como única fuente de nitrógeno. Tal medio preferiblemente no contiene ningún aminoácido o péptido aparte de los dipéptidos, y más preferiblemente tal medio no contiene ningún aminoácido, péptido o amonio aparte de los dipéptidos.

- 55 La característica III puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar cualquier dipéptido como única fuente de nitrógeno. Sin embargo, también es posible que dicha levadura sea capaz de utilizar solo uno o más dipéptidos específicos como única fuente de nitrógeno.

- Se prefiere que la característica III sea que la célula de levadura es capaz de utilizar al menos uno, tal como al menos dos, por ejemplo, al menos tres, tal como al menos 4, por ejemplo, al menos 5, tal como todos los dipéptidos siguientes:

Met-Tyr

Leu-Tyr
Val-Met
Phe-Tyr
Ile-Leu
5 Ile-Asn.

En una realización, la característica III es que la célula de levadura es capaz de utilizar al menos uno, tal como al menos 3, por ejemplo, al menos 5, tal como al menos 7, por ejemplo, al menos 9, tal como todos los dipéptidos siguientes:

10 Gly-Arg
Ile-Asn
Lys-Tyr
Met-Lys
15 Val-Ala
Val-Asn
Val-Gly
Val-Gln
Val-Met
20 Val-Ser

La característica III también puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar uno o más dipéptidos de la fórmula Val-Xaa, donde Xaa simboliza cualquier aminoácido. Por ejemplo, la característica III puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar al menos 3, tal como al menos 4, por ejemplo, al menos 6, dipéptidos diferentes de la
25 fórmula Val-Xaa. En particular, Xaa puede ser un aminoácido seleccionado del grupo que consiste en Ala, Asn, Gly, Gln, Met y Ser.

La característica III también puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar uno o más dipéptidos de la fórmula Ala-Xaa, donde Xaa simboliza cualquier aminoácido. En particular, Xaa puede ser un aminoácido seleccionado del
30 grupo que consiste en Glu, Gly, His y Thr. Frecuentemente, la capacidad de utilizar un dipéptido de la fórmula Ala-Xaa está relacionada con la capacidad de utilizar alantoato, que es un producto intermedio del catabolismo de la alantoína. Por tanto, se prefiere que la célula de levadura sea capaz además de utilizar alantoína como única fuente de nitrógeno.

La característica III también puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar uno o más de los dipéptidos
35 siguientes, por ejemplo, al menos 3 de los dipéptidos siguientes, tal como al menos 5 de los dipéptidos siguientes, tal como todos los dipéptidos siguientes:

Met-Tyr
Leu-Tyr
40 Val-Met
Phe-Tyr
Ile-Leu
Ile-Asn
Ala-Xaa, donde Xaa es cualquier aminoácido y preferiblemente Xaa es Glu, Gly, His o Thr.

45 Un procedimiento útil para determinar si una célula de levadura es capaz de utilizar dipéptidos como única fuente de nitrógeno se describe más adelante en el Ejemplo 6 de esta invención. El experto en la materia entenderá que los procedimientos descritos en el Ejemplo 6 se pueden usar para ensayar si se puede utilizar cualquier dipéptido como única fuente de nitrógeno intercambiando los dipéptidos ensayados.

50 Las células de levadura que tienen la característica III, preferiblemente también tienen uno o más de los genotipos I, II y III, más preferiblemente todos los genotipos I, II y III descritos más adelante.

Característica IV

55 La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica IV, donde la característica IV es que la célula de levadura es capaz de utilizar tripéptidos. Por tanto, tras incubación en un medio que contiene tripéptidos, dicha célula de levadura es capaz de retirar al menos parte de dichos tripéptidos.

60 Más preferiblemente, la característica IV es que la célula de levadura es capaz de utilizar tripéptidos como única fuente de nitrógeno. Por tanto, la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene tripéptidos como única fuente de nitrógeno. Tal medio preferiblemente no contiene ningún aminoácido o péptido aparte de los tripéptidos, y

más preferiblemente tal medio no contiene ningún aminoácido, péptido o amonio aparte de los tripéptidos.

La característica IV puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar cualquier tripéptido como única fuente de nitrógeno. Sin embargo, también es posible que dicha levadura sea capaz de utilizar solo uno o más tripéptidos
5 específicos como única fuente de nitrógeno.

Se prefiere que la característica IV sea que la célula de levadura es capaz de utilizar el tripéptido Gly-Gly-Gly como única fuente de nitrógeno.

- 10 Un procedimiento útil para determinar si una célula de levadura es capaz de utilizar tripéptidos como única fuente de nitrógeno se describe más adelante en el Ejemplo 6 de esta invención. El experto en la materia entenderá que los procedimientos descritos en el Ejemplo 6 se pueden usar para ensayar si se puede utilizar cualquier tripéptido como única fuente de nitrógeno intercambiando los tripéptidos ensayados.
- 15 Las células de levadura que tienen la característica IV, preferiblemente también tienen uno o más de los genotipos I, II y III, más preferiblemente al menos los genotipos II y III descritos más adelante.

Característica V

- 20 La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica V, donde la característica V es una utilización alta de aminoácidos.

En general, se prefiere que la célula de levadura descrita en esta invención sea capaz de utilizar los aminoácidos en un grado alto. Esto garantiza tanto que la energía almacenada en los aminoácidos se pueda utilizar, como un nivel
25 bajo de aminoácidos después de la fermentación. Por tanto, si dicha levadura se usa para la preparación de cerveza, la cerveza final tendrá un nivel bajo de aminoácidos. Los aldehídos de Strecker son componentes importantes del sabor "añejo" de la cerveza que proceden en parte de los aminoácidos de la propia cerveza embotellada. Los aminoácidos que han demostrado estar implicados en la formación de aldehídos de Strecker con un umbral sensorial bajo incluyen valina, isoleucina, leucina, metionina y fenilalanina (Tabla 2). La formación de aldehídos de Strecker
30 juega un papel crucial, porque un aumento en su concentración otorga una percepción sensorial creciente de "sabores añejos".

Por consiguiente, según se describe en esta invención, es una ventaja que la célula de levadura sea capaz de utilizar los aminoácidos en un grado superior a las levaduras Lager y las levaduras Ale convencionales.

35 Por tanto, se prefiere que las células de levadura descritas en esta invención tengan la característica V, donde la característica V es que dichas células de levadura son capaces de reducir el nivel de uno o más aminoácidos a un máximo de 10 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. En particular, la característica V puede ser que la célula de levadura es
40 capaz de reducir el nivel de 12, tal como al menos 13, por ejemplo, de al menos 14, aminoácidos diferentes a menos de 10 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. Por ejemplo, la célula de levadura puede ser capaz de reducir en el intervalo de 12 a 20, tal como en el intervalo de 14 a 20, aminoácidos a un máximo de 10 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura.

45 La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel total de aminoácidos menos de 30 %, tal como menos de 25 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura.

50 La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de uno o más aminoácidos a un máximo de 5 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. En particular, la característica V puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de 10, tal como al menos 11, por ejemplo, de al menos 13, aminoácidos diferentes a menos de 5 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten
55 el crecimiento de dichas células de levadura.

La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de uno o más aminoácidos a un máximo de 1 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. En particular, la característica V puede ser que la célula de
60 levadura es capaz de reducir el nivel de 5, tal como al menos 6, por ejemplo, de al menos 7, aminoácidos diferentes a menos de 1 % de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura.

- La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de uno o más de los aminoácidos formadores de aldehídos de Strecker. Por tanto, la característica V puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de Met a menos de 10 %, preferiblemente menos de 5 %, aún más preferiblemente a un
- 5 máximo de 2 %, incluso más preferiblemente a menos de 1 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. En particular, la célula de levadura puede ser capaz de retirar esencialmente toda la Met después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de Val a menos de 10 %, preferiblemente menos de 5 %, aún más preferiblemente
- 10 a un máximo de 2 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de Ile a menos de 10 %, preferiblemente menos de 5 %, aún más preferiblemente a un máximo de 2 %, incluso más preferiblemente a menos de 1 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. En particular, la célula de levadura puede ser capaz de retirar esencialmente toda la Ile después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de Leu a menos de 10 %, preferiblemente menos de 5 %, aún más preferiblemente a un máximo de 2 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. La característica V también puede ser que la
- 20 célula de levadura es capaz de reducir el nivel de Phe a menos de 10 %, preferiblemente menos de 5 %, aún más preferiblemente a un máximo de 2 %, incluso más preferiblemente a menos de 1 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. En particular, la célula de levadura puede ser capaz de retirar esencialmente toda la Phe después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura.
- 25 La expresión “retirar esencialmente toda” se emplea en esta invención para indicar que el aminoácido se retira a un nivel que está por debajo del nivel de detección, cuando la detección se realiza mediante UPLC.
- También se describe en esta invención que la característica V es que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel
- 30 de al menos 2, preferiblemente de al menos 3, más preferiblemente de al menos 4, aún más preferiblemente de todos los aminoácidos Met, Val, Ile, Leu y Phe a menos de 10 %, preferiblemente menos de 5 %, aún más preferiblemente a un máximo de 2 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura.
- 35 La característica V también puede ser que las células de levadura son capaces de utilizar al menos 80 % de al menos uno de los aminoácidos Met, Val, Ile, Leu y Phe cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones.
- 40 También se prefiere que las células de levadura descritas en esta invención tengan la característica V, donde dicha característica V es que las células de levadura son capaces de reducir el nivel total de los aminoácidos Met, Val, Ile, Leu y/o Phe a un máx de 400 mg/L, tal como a un máximo de 100 mg/L, tal como a un máximo de 50 mg/L, por ejemplo, un a máximo de 10 mg/L, después de la incubación durante 6 días en condiciones que permiten el crecimiento de dicha célula de levadura.
- 45 La característica V también puede ser una combinación de cualquiera de las características V antes mencionadas descritas en esta sección. Por tanto, por ejemplo, la característica V puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de al menos 12, tal como al menos 13, por ejemplo, de al menos 14, aminoácidos diferentes a menos de 10 % y es capaz de reducir el nivel total de aminoácidos a menos de 30 %, tal como menos de 25 %, de la
- 50 concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de al menos 10 aminoácidos a menos de 5 % y es capaz de reducir el nivel total de aminoácidos a menos de 30 %, tal como menos de 25 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. La característica V también puede ser que la célula de levadura es capaz de reducir el nivel de al menos 5 aminoácidos a menos de 1 % y es capaz de reducir el nivel total de aminoácidos a menos de 30 %, tal como menos de 25 %, de la concentración de partida después de la incubación durante 5 días en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura. Las condiciones que permiten el crecimiento de dichas células de levadura se describen más adelante en la sección “Procedimiento para producir una bebida” de esta invención. Dichas condiciones pueden ser cualquiera de las condiciones de fermentación
- 55 descritas en esa sección. P. ej., dichas condiciones pueden ser la incubación a una temperatura en el intervalo de 10 a 20 °C en mosto. El nivel de aminoácidos se puede determinar mediante cualquier procedimiento útil, p. ej., usando HPLC o UPLC. Los procedimientos útiles para determinar si una célula de levadura tiene una utilización alta de
- 60

aminoácidos se describen más adelante en los Ejemplos 4 y 9 de esta invención.

Característica VI

- 5 La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica VI, donde la característica VI es una producción alta de alcohol. Puesto que la cantidad de alcohol producida por una célula de levadura determinada está muy influenciada por el material de partida, se prefiere que la característica I sea que la célula de levadura es capaz de generar al menos 4,7 por mil de etanol por °Plato. El °Plato es una medida de la densidad de un líquido y, por tanto, indica el nivel de azúcares y otros nutrientes fermentables.
- 10 En particular, se prefiere que la célula de levadura sea capaz de generar al menos 4,7 por mil de etanol por °Plato cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones.
- 15 Preferiblemente, se considera que el diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones cuando el nivel de diacetilo es como máximo 30 ppb.

Característica VII

- 20 La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica VII, donde la característica VII es un grado real de fermentación (GRF) alto.

El GRF mide el grado en que el azúcar del líquido de partida se ha fermentado a alcohol. Por tanto, si el líquido de partida es un mosto, el GRF mide el grado en que el azúcar del mosto se ha fermentado a alcohol en la cerveza resultante.

- 25 Se prefiere que la célula de levadura según la invención tenga la característica VII, donde la característica VII es que la célula de levadura es capaz de fermentar azúcar con un GRF de al menos 68 %, tal como al menos 69 %, por ejemplo, al menos 70 %, y más preferiblemente con un GRF de al menos 71 %.
- 30 En particular, se prefiere que la célula de levadura sea capaz de fermentar azúcar con un GRF superior al GRF de al menos una de las cepas precursoras. Por tanto, la célula de levadura según la invención puede ser una célula de levadura híbrida que es capaz de fermentar azúcar con un GRF que es al menos 1 % superior, por ejemplo, al menos 2 % superior, al GRF de una de las cepas precursoras. En particular, la célula de levadura según la invención puede
- 35 ser un híbrido entre una cepa precursora de *S. pastorianus* y una cepa precursora de *S. cerevisiae*. En tales realizaciones, la célula de levadura puede ser capaz de fermentar azúcar con un GRF al menos 1 % superior al GRF de la cepa precursora de *S. pastorianus*. La célula de levadura según la invención también puede ser un híbrido entre una cepa precursora de *S. diastaticus* y una cepa precursora de *S. cerevisiae*. En tales realizaciones, la célula de levadura puede ser capaz de fermentar azúcar con un GRF al menos 1 % superior, preferiblemente al menos 2 % superior, al GRF de la cepa precursora de *S. diastaticus*.
- 40

Característica VIII

- 45 La célula de levadura según la invención tiene la característica VIII, donde la característica VIII es que la célula de levadura es capaz de utilizar melibiosa como única fuente de carbono. Por tanto, tras incubación en un medio que contiene melibiosa, dicha célula de levadura es capaz de retirar al menos parte de dicha melibiosa.

- La célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene melibiosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún mono- y/o disacárido aparte de la melibiosa, y más preferiblemente tal
- 50 medio no contiene ningún carbohidrato aparte de la melibiosa.

Un procedimiento útil para determinar si una célula de levadura es capaz de utilizar melibiosa como única fuente de carbono se describe más adelante en el Ejemplo 7 de esta invención.

55 Característica IX

- La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica IX, donde la característica IX es que la célula de levadura es capaz de utilizar disacáridos y/o trisacáridos. Por tanto, tras incubación en un medio que contiene disacáridos y/o trisacáridos, dicha célula de levadura es capaz de retirar al menos parte de dichos disacáridos y/o
- 60 trisacáridos.

Más preferiblemente, la característica IX es que la célula de levadura es capaz de utilizar disacáridos y/o trisacáridos

como única fuente de carbono. Por tanto, la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene disacáridos y/o trisacáridos como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún sacárido aparte de los disacáridos y/o trisacáridos.

- 5 La característica IX puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar cualquier disacárido y trisacárido como única fuente de carbono. Sin embargo, también es posible que dicha levadura sea capaz de utilizar solo uno o más disacáridos y/o trisacáridos específicos como única fuente de carbono. Como se describió anteriormente, se prefiere que las células de levadura sean capaces de utilizar isomaltosa (característica I), panosa (característica II) y/o melibiosa (característica VIII).

- 10 Por tanto, la característica IX es preferiblemente que la célula de levadura es capaz de utilizar uno o más disacáridos y/o trisacáridos que no sean isomaltosa, panosa o melibiosa. Por tanto, la característica IX puede ser que la célula de levadura es capaz de utilizar uno o más disacáridos y/o trisacáridos además de la isomaltosa, panosa o melibiosa.

- 15 La célula de levadura puede, por tanto, ser capaz de utilizar uno o más disacáridos y/o trisacáridos que no sean isomaltosa, panosa o melibiosa como única fuente de carbono y, además, dicha célula de levadura puede tener una o más de las características I, II u VIII.

- Se prefiere que la característica IX sea que la célula de levadura es capaz de utilizar al menos uno, tal como al menos dos, por ejemplo, al menos tres, tal como al menos 4, por ejemplo, al menos 5, tal como todos los disacáridos seleccionados del grupo que consiste en coibiosa, nigerosa, sucrosa, turanosa, leucrosa y palatinosa como única fuente de carbono.

- También se prefiere que la característica IX sea que la célula de levadura es capaz de utilizar maltotriosa y/o isomaltotriosa como única fuente de carbono.

- 25 Por tanto, las células de levadura pueden ser capaces de utilizar maltotriosa como única fuente de carbono. Por tanto, la célula de levadura puede ser capaz de crecer en un medio que contiene maltotriosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún mono- y/o di- y/o trisacárido aparte de la maltotriosa, y más preferiblemente tal medio no contiene ningún carbohidrato aparte de la maltotriosa.

- 30 En particular, la característica IX puede ser que la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene en el intervalo de 1 a 5 g/L, por ejemplo, en el intervalo de 1 a 3 g/L, tal como 2 g/L, de maltotriosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún carbohidrato aparte de dicha concentración de maltotriosa.

- 35 Muchas células de levadura, p. ej., muchas células de levadura Lager no son capaces de utilizar maltotriosa como única fuente de carbono, en particular muchas células de levadura Lager no son capaces de utilizar maltotriosa como única fuente de carbono cuando la maltotriosa está presente solo en niveles bajos.

- Por tanto, las células de levadura pueden ser capaces de utilizar maltulosa como única fuente de carbono. Por tanto, la célula de levadura puede ser capaz de crecer en un medio que contiene maltulosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún mono- y/o disacárido aparte de la maltulosa, y más preferiblemente tal medio no contiene ningún carbohidrato aparte de la maltulosa.

- 45 En particular, la característica IX puede ser que la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene en el intervalo de 1 a 5 g/L, por ejemplo, en el intervalo de 1 a 3 g/L, tal como 2 g/L, de maltulosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún carbohidrato aparte de dicha concentración de maltulosa.

- Muchas células de levadura, p. ej., muchas células de levadura Lager no son capaces de utilizar maltulosa como única fuente de carbono.

- 50 Por tanto, las células de levadura pueden ser capaces de utilizar coibiosa como única fuente de carbono. Por tanto, la célula de levadura puede ser capaz de crecer en un medio que contiene coibiosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún mono- y/o disacárido aparte de la coibiosa, y más preferiblemente tal medio no contiene ningún carbohidrato aparte de la coibiosa.

- 55 En particular, la característica IX puede ser que la célula de levadura es capaz de crecer en un medio que contiene en el intervalo de 1 a 5 g/L, por ejemplo, en el intervalo de 1 a 3 g/L, tal como 2 g/L, de coibiosa como única fuente de carbono. Tal medio preferiblemente no contiene ningún carbohidrato aparte de dicha concentración de coibiosa.

- 60 Muchas células de levadura, p. ej., muchas células de levadura Lager no son capaces de utilizar coibiosa como única fuente de carbono.

Por tanto, las células de levadura descritas en esta invención pueden ser capaces de utilizar uno o más de los disacáridos y/o trisacáridos descritos en la Tabla 13.

Tabla 13

Sustrato	Enlace
Disacáridos (Glc → Glu)	
Coibiosa	O-α-D-glucosil-(1→2)-α-D-glucosa
Nigerosa	O-α-D-glucosil-(1→3)-α-D-glucosa
Isomaltosa	O-α-D-glucosil-(1→6)-α-D-glucosa
Disacáridos (Glc → Fru)	
Sucrosa	O-α-D-glucosil-(1→2)-β-D-fructosa
Turanosa	O-α-D-glucosil-(1→3)-D-fructosa
Maltulosa	O-α-D-glucosil-(1→4)-D-fructosa
Leucrosa	O-α-D-glucosil-(1→5)-D-fructosa
Palatinosa	O-α-D-glucosil-(1→6)-D-fructosa
Trisacáridos	
Maltotriosa	O-α-D-glucosil-(1→4)-α-D-glucosil-(1→4)-D-glucosa
Isomaltotriosa	O-α-D-glucosil-(1→6)-α-D-glucosil-(1→6)-D-glucosa
Panosa	O-α-D-glucosil-(1→6)-α-D-glucosil-(1→4)-D-glucosa

5

Los procedimientos útiles para determinar si una célula de levadura es capaz de utilizar disacáridos y/o trisacáridos se describen más adelante en los Ejemplos 8 y 11 de esta invención. Un procedimiento útil para determinar si una célula de levadura es capaz de utilizar disacáridos y/o trisacáridos como única fuente de carbono se describe más adelante en el Ejemplo 5 de esta invención. El experto en la materia entenderá que los procedimientos descritos en el

10 Ejemplo 5 se pueden usar para determinar si se puede utilizar cualquier disacárido y/o trisacárido como única fuente de carbono intercambiando la panosa/isomaltosa por los disacáridos y/o trisacáridos que se van a ensayar.

Las células de levadura que tienen la característica IX, preferiblemente también tienen uno o más de los genotipos IV, V y VI, más preferiblemente todos los genotipos IV, V y VI descritos más adelante.

15

Característica X

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica X, donde la característica X es que la célula de levadura solo tiene un número bajo de células en suspensión, en particular la célula de levadura tiene un

20 número bajo de células en suspensión después de la incubación en un medio líquido en un recipiente. Dicha incubación es preferiblemente una incubación durante 1 a 14 días, tal como de 2 a 10 días, por ejemplo, de 4 a 8 días, por ejemplo, de 4 a 6 días.

En particular, se prefiere que la característica X sea que como máximo 12 millones, tal como un máximo de 10 millones,

25 de células/ml están en suspensión después de la incubación durante 4 días en condiciones que permiten el crecimiento de dicha célula de levadura. Por tanto, la característica X puede ser que como máximo 12 millones, tal como un máximo de 10 millones, de células/ml están en suspensión cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba durante 4 días. Por tanto, la característica X también puede ser que como máximo 12 millones, tal como un máximo de 10 millones, de células/ml

30 están en suspensión cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba durante 5 días. Por tanto, la característica X también puede ser que como máximo 12 millones, tal como un máximo de 10 millones, de células/ml están en suspensión cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba durante 6 días. Dicha incubación puede ser, por ejemplo, a una temperatura en el intervalo de 10 a 20 °C, tal

35 como en el intervalo de 10 a 18 °C, por ejemplo, a 16 °C o 18 °C. La concentración de partida de células de levadura

puede estar, por ejemplo, en el intervalo de 10 a 20 millones de células/ml, por ejemplo, en el intervalo de 14 a 15 millones de células/ml.

También se puede preferir que la característica X sea que la célula de levadura tiene un número de células en suspensión por ml, que es como máximo 80 %, tal como un máximo de 70 %, por ejemplo, como máximo 60 %, tal como un máximo de 50 %, por ejemplo, como máximo 40 %, del número de partida de células por ml después de 4 a 6 días, tal como durante 5 días, de incubación en condiciones que permiten el crecimiento de dichas células.

Por ejemplo, la característica X puede ser que la célula de levadura tiene un número de células en suspensión por ml que es como máximo 80 %, tal como un máximo de 70 %, por ejemplo, como máximo 60 %, tal como un máximo de 50 %, por ejemplo, como máximo 40 %, del número de partida de células por ml después de 4 a 6 días, tal como durante 5 días, de incubación en una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato. La característica X puede ser que la célula de levadura tiene un número de células en suspensión por ml que es como máximo 80 %, tal como un máximo de 70 %, por ejemplo, como máximo 60 %, tal como un máximo de 50 %, por ejemplo, como máximo 40 %, del número de partida de células por ml después de 6 días de incubación en una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato. Dicha incubación puede ser, por ejemplo, a una temperatura en el intervalo de 15 a 20 °C, tal como en el intervalo de 10 a 18 °C, por ejemplo, a 16 °C o 18 °C.

En una realización, la característica X es que como máximo 25 millones, preferiblemente como máximo 20 millones, de células/ml están en suspensión después de la incubación durante 7 días en condiciones que permiten el crecimiento de dicha célula de levadura. Por tanto, la característica X puede ser que como máximo 25 millones, tal como un máximo de 20 millones, de células/ml están en suspensión cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba durante 7 días a 18 °C.

Un procedimiento útil para determinar las células en suspensión se describe más adelante en el Ejemplo 2 de esta invención.

Característica XI

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener la característica XI, donde la característica XI es que la célula de levadura es capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria de como máximo 4 días.

La característica XI puede ser que la célula de levadura es capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria de como máximo 3,5 días.

La característica XI puede ser que la célula de levadura es capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria de como máximo 3 días.

La característica XI también puede ser que la célula de levadura es capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria que es al menos un día más corto que el tiempo de fermentación primaria de al menos una de las cepas precursoras en las mismas condiciones. Por tanto, la célula de levadura según la invención también puede ser una célula de levadura híbrida que es capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria que es al menos un día más corto que el tiempo de fermentación primaria de al menos una de las cepas precursoras en las mismas condiciones. En particular, la célula de levadura según la invención puede ser un híbrido entre una cepa precursora de *S. pastorianus* y una cepa precursora de *S. cerevisiae*. En tales realizaciones, la célula de levadura puede ser capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria que es al menos un día más corto que el tiempo de fermentación primaria de la cepa precursora de *S. pastorianus* en las mismas condiciones.

Dicho mosto puede ser cualquier mosto estándar, pero preferiblemente es un mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato. Por tanto, dicho mosto puede ser en particular un mosto que tiene un contenido de azúcares en el intervalo de 10 °Plato a 20 °Plato. En particular, dicho mosto puede ser un mosto que tiene un contenido de azúcares de 14 a 16 °Plato.

El término "tiempo de fermentación primaria" es el tiempo transcurrido desde la inoculación del mosto con levadura hasta que finaliza la fermentación primaria. La fermentación primaria se considera finalizada cuando el extracto aparente es estable y/o cuando ya no hay liberación activa de CO₂. El extracto aparente se considera estable cuando el extracto aparente entre dos mediciones no se altera en más de +/-15 %, preferiblemente en no más de +/-10 %.

La levadura se puede inocular en cualquier concentración útil, por ejemplo, de 10 a 20 millones de células viables/ml, tal como 13 a 16 millones de células viables/ml, por ejemplo, 14-15 millones de células viables/ml.

El tiempo de fermentación primaria se puede determinar a una temperatura a la cual la célula de levadura es capaz de crecer. Por tanto, el tiempo de fermentación primaria se puede determinar a una temperatura en el intervalo de 10 a 25 °C, preferiblemente a una temperatura en el intervalo de 12 a 20 °C, por ejemplo, en el intervalo de 14 a 18 °C.

- 5 Un procedimiento para determinar el tiempo de fermentación primaria se describe más adelante en el Ejemplo 3 de esta invención.

Contexto genético

- 10 Las células de levadura descritas en esta invención pueden tener una o más de las características I a XI descritas anteriormente en esta invención.

Además de dichas características, la célula de levadura descrita en esta invención puede tener uno o más de los genotipos I a VI descritos más adelante en esta invención. Dichos genotipos pueden estar vinculados a las

- 15 características descritas anteriormente.

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener al menos el genotipo IV descrito más adelante en esta invención. Además de tener el genotipo IV, dicha levadura también puede tener uno o más de los genotipos I, II, III, V, VI y una o más de las características I a XI.

20

En la invención, la célula de levadura tiene al menos el genotipo IV descrito más adelante y el genotipo VI descrito más adelante. Además de tener los genotipos IV y VI, dicha levadura también puede tener uno o más de los genotipos I, II, III, IV y una o más de las características I a XI.

- 25 Por tanto, la célula de levadura descrita en esta invención puede tener los genotipos I y II. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I y III. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I y IV. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II y III. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II y IV. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II, III y IV. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II, III y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II, III y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos I, II, III, IV y V. La célula de levadura también puede tener los genotipos I, II, III, IV, V y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II y III. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II y IV. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II, III y IV. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II, III y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II, III y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos II, III, IV y V. La célula de levadura también puede tener los genotipos II, III, IV, V y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos III y IV. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos III y V. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos III y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos III, IV y V. La célula de levadura también puede tener los genotipos III, IV y VI. La célula de levadura también puede tener los genotipos III, IV, V y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos IV y V. La célula de levadura también puede tener los genotipos IV y VI. La célula de levadura también puede tener los genotipos IV, V y VI. La célula de levadura descrita en esta invención también puede tener los genotipos V y VI.

Las células de levadura descritas en esta invención pueden tener todos los genotipos I, II, III, IV, V y VI.

- 55 En una realización de la invención, la célula de levadura según la invención puede ser una célula de levadura que comprende la secuencia de ADN genómico disponible en DDBJ/EMBL/GenBank con el número de entrada LOQJ000000000, en particular la secuencia de ADN disponible en DDBJ/EMBL/GenBank con el número de entrada LOQJ000000000, versión n.º LOQJ01000000. Esta secuencia se proporciona como un proyecto de secuenciación del genoma completo y se proporcionan más detalles sobre esta secuencia más adelante en los Ejemplos de esta invención.

60

En otra realización de la invención, la célula de levadura según la invención puede ser una célula de levadura que

comprende la secuencia de ADN genómico disponible en DDBJ/EMBL/GenBank con el número de entrada LOQJ000000000, en particular la secuencia de ADN disponible en DDBJ/EMBL/GenBank con el número de entrada LOQJ000000000, versión n.º LOQJ01000000. Esta secuencia se proporciona como un proyecto de secuenciación del genoma completo y se proporcionan más detalles sobre esta secuencia más adelante en los Ejemplos de esta invención.

En base a las secuencias genómicas proporcionadas en esta invención se pueden preparar cromosomas de levadura sintéticos. Esto se puede realizar, por ejemplo, como describen Callaway en Nature en 2014 (Nature DOI: doi:10.1038/nature.2014.14941), o Annaluru y col., Science 4 de abril de 2014: vol. 344 n.º 6179 páginas 55-58 (DOI: 10.1126/science.1249252). También "Synthetic Yeast 2.0" proporciona información sobre cómo preparar cromosomas de levadura sintéticos (véase, p. ej., <http://syntheticyeast.org/>). Las células de levadura que comprenden dichos cromosomas de levadura sintéticos se pueden preparar usando tecnología recombinante convencional.

Genotipo I

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener el genotipo I, donde el genotipo I es la presencia de un gen que codifica DAL5. En particular, se prefiere que la célula de levadura descrita en esta invención comprenda un gen que codifica DAL5 de SEQ ID NO: 6 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma. preferiblemente, el genotipo I es la presencia de un gen que codifica DAL5 de SEQ ID NO: 6.

El genotipo I puede ser la presencia de al menos un gen alélico que codifica DAL5, donde el gen alélico que codifica DAL5 codifica DAL5 seleccionada del grupo que consiste en DAL5 de SEQ IDNO: 6, DAL5 de SEQ ID NO: 39, DAL5 de SEQ ID NO: 40 y homólogos funcionales de las mismas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con cualquiera de las antes mencionadas.

En una realización, el genotipo I puede ser la presencia de los 2 genes alélicos siguientes:

- 1) un gen que codifica DAL5 de SEQ ID NO: 39 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 2) un gen que codifica DAL5 de SEQ ID NO: 40 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

DAL5 es una proteína transportadora de dipéptidos que transporta dipéptidos mediante una regla distinta de la regla del extremo amino. La célula de levadura puede tener, por ejemplo, el genotipo I en realizaciones de la invención en las que la célula de levadura tiene las características III, IV y/o VI, en particular cuando la célula de levadura tiene la característica III.

Genotipo II

La célula de levadura descrita en esta invención puede tener el genotipo II, donde el genotipo II es la presencia de al menos 3 genes que codifican PTR2. En particular, se prefiere que la célula de levadura descrita en esta invención comprenda al menos 3 genes que codifican PTR2, donde PTR2 se puede seleccionar del grupo que consiste en PTR2 de SEQ ID NO: 7, PTR2 de SEQ ID: 8, PRT2 de SEQ ID NO: 9 y homólogos funcionales de cada una de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

Por tanto, el genotipo II puede ser que la célula de levadura comprende 3 genes seleccionados del grupo que consiste en:

- 1) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 7 o un homólogo funcional de cada una de las antes mencionadas que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia;
- 2) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 8 o un homólogo funcional de cada una de las antes mencionadas que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia; y
- 3) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 9 o un homólogo funcional de cada una de las antes mencionadas que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como

al menos 98 %, de identidad de secuencia.

Por tanto, el genotipo II puede ser que la célula de levadura comprende los 3 genes siguientes:

- 5 1) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 7 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma;
 - 2) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 8 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
 - 10 3) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 9 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.
- 15 Por tanto, el genotipo II puede ser que la célula de levadura comprende 3 genes seleccionados del grupo que consiste en:
- 1) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 7;
 - 2) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 8 y
 - 20 3) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 9.

En una realización, el genotipo II puede ser que la célula de levadura comprende al menos 2 genes alélicos que codifican PTR2. Por ejemplo, el genotipo II puede ser que la célula de levadura comprende al menos dos genes alélicos que codifican PTR2 seleccionados individualmente del grupo que consiste en genes que codifican PTR2 de SEQ ID NO: 7, PTR2 de SEQ ID NO: 8, PTR2 de SEQ ID NO: 9, PTR2 de SEQ ID NO: 37, PTR2 de SEQ ID NO: 38, PTR2 de SEQ ID NO: 43, PTR2 de SEQ ID NO: 44 y homólogos funcionales de cada una de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

30 En una realización, el genotipo II puede ser que la célula de levadura comprende los 2 genes alélicos siguientes:

- 1) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 37 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma;
- 35 2) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 38 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En una realización, el genotipo II puede ser que la célula de levadura comprende los 2 genes alélicos siguientes:

- 40 1) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 43 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma;
- 2) un gen que codifica PRT2 de SEQ ID NO: 44 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.
- 45

PRT2 es una proteína transportadora de di- y tripéptidos, así como de otros péptidos a la célula de levadura.

50 La célula de levadura puede tener, por ejemplo, el genotipo II cuando la célula de levadura tiene las características III, IV y/o V, tal como en la realización en la que la célula de levadura tiene las características III y/o IV.

Genotipo III

55 La célula de levadura descrita en esta invención puede tener el genotipo III, donde el genotipo III es la presencia de un gen que codifica UBR1. En particular, se prefiere que la célula de levadura descrita en esta invención comprenda un gen que codifica UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10 o UBR1 de SEQ ID NO: 11 o un homólogo funcional de cualquiera de las antes mencionadas que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas. preferiblemente,

60 el genotipo III es la presencia de al menos dos genes que codifican UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10 o UBR1 de SEQ ID NO: 11 o un homólogo funcional de cualquiera de las antes mencionadas que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de

secuencia con las mismas.

Por ejemplo, el genotipo III puede ser la presencia de los 2 genes siguientes:

- 5 1) un gen que codifica UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10 o SEQ ID NO: 45 o un homólogo funcional de cualquiera de las antes mencionadas que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas; y
- 10 2) un gen que codifica UBR1 de SEQ ID NO: 11 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En particular, el genotipo III puede ser la presencia de los 2 genes siguientes:

- 15 1) un gen que codifica UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10 y
- 2) un gen que codifica UBR1 de SEQ ID NO: 11.

La célula de levadura puede tener, por ejemplo, el genotipo III cuando la célula de levadura tiene las características III y/o IV.

- 20 El genotipo III puede ser que la célula de levadura comprende al menos un gen alélico que codifica UBR1 seleccionada del grupo que consiste en UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10, UBR1 de SEQ ID NO: 11, UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 41, UBR1 de SEQ ID NO: 42, UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 45 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

- 25 El genotipo III puede ser que la célula de levadura comprende al menos dos genes alélicos que codifican UBR1 seleccionada individualmente del grupo que consiste en UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10, UBR1 de SEQ ID NO: 11, UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 41, UBR1 de SEQ ID NO: 42 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.
- 30

Por ejemplo, el genotipo III puede ser la presencia de los 2 genes siguientes:

- 35 1) un gen que codifica UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 41 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma y
- 2) un gen que codifica UBR1 de SEQ ID NO: 42 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

- 40 La célula de levadura puede tener, por ejemplo, el genotipo III cuando la célula de levadura tiene las características III, IV y/o V, tal como en la realización en la que la célula de levadura tiene las características III y/o IV.

Genotipo IV

- 45 La célula de levadura según la invención tiene el genotipo IV, donde el genotipo IV es la presencia de al menos 3 genes alélicos, preferiblemente al menos 4 genes alélicos que codifican IMA1p. En particular, se prefiere que la célula de levadura según la invención comprenda al menos 4 genes alélicos que codifican IMA1p seleccionada individualmente del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13, IMA1p de SEQ ID NO: 14, IMA1p de SEQ ID NO: 15 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.
- 50

IMA1p puede ser codificada por diferentes alelos, por ejemplo, por el alelo corto de IMA1 o por el alelo largo de IMA1.

- 55 Una célula de levadura puede comprender alelos tanto largos como cortos de IMA1. En una realización, se puede preferir que la célula de levadura según la invención comprenda al menos 3 alelos largos que codifican IMA1p.

- Por ejemplo, el genotipo IV puede ser la presencia de al menos 2 alelos cortos de IMA1. Dichos dos alelos cortos de IMA1 pueden ser genes que codifican IMA1p seleccionada del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.
- 60

En una realización preferida, el genotipo IV puede ser la presencia de al menos 3 alelos cortos de IMA1. Dichos 3 alelos cortos de IMA1 pueden ser genes alélicos que codifican IMA1p seleccionada del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13, IMA1p de SEQ ID NO: 1, IMA1p de SEQ ID NO: 2, IMA1p de SEQ ID NO: 3, IMA1p de SEQ ID NO: 4, IMA1p de SEQ ID NO: 5, IMA1p de SEQ ID NO: 33 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

Por ejemplo, el genotipo IV puede ser la presencia de al menos 2 alelos largos de IMA1. Dichos dos alelos largos de IMA1 pueden ser genes que codifican IMA1p seleccionada del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 14, IMA1p de SEQ ID NO: 15 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

En una realización, el genotipo IV puede ser la presencia de al menos 3 alelos largos de IMA1. Dichos 3 alelos largos de IMA1 pueden ser genes que codifican IMA1p seleccionada del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 21, IMA1p de SEQ ID NO: 22, IMA1p de SEQ ID NO: 3, IMA1p de SEQ ID NO: 24, IMA1p de SEQ ID NO: 25 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

En una realización preferida, el genotipo IV puede ser la presencia de al menos 3 alelos cortos de IMA1 y al menos 2 alelos largos de IMA1, donde

a) dichos 3 alelos cortos de IMA1 son individualmente genes que codifican IMA1p seleccionada del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13, IMA1p de SEQ ID NO: 1, IMA1p de SEQ ID NO: 2, IMA1p de SEQ ID NO: 3, IMA1p de SEQ ID NO: 4, IMA1p de SEQ ID NO: 5, IMA1p de SEQ ID NO: 33 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas; y

b) dichos 2 alelos largos de IMA1 son individualmente genes que codifican IMA1p seleccionada del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 14, IMA1p de SEQ ID NO: 15, IMA1p de SEQ ID NO: 21, IMA1p de SEQ ID NO: 22, IMA1p de SEQ ID NO: 23, IMA1p de SEQ ID NO: 24, IMA1p de SEQ ID NO: 25 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

En una realización, el genotipo IV puede ser que la célula de levadura comprende al menos 5 genes alélicos que codifican IMA1p, donde dichos genes alélicos se seleccionan individualmente del grupo que consiste en genes que codifican IMA1p de SEQ ID NO: 1, IMA1p de SEQ ID NO: 2, IMA1p de SEQ ID NO: 3, IMA1p de SEQ ID NO: 4, IMA1p de SEQ ID NO: 5, IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13, IMA1p de SEQ ID NO: 14, IMA1p de SEQ ID NO: 15, IMA1p de SEQ ID NO: 21, IMA1p de SEQ ID NO: 22, IMA1p de SEQ ID NO: 23, IMA1p de SEQ ID NO: 24, IMA1p de SEQ ID NO: 25 e IMA1p de SEQ ID NO: 33.

En una realización, el genotipo IV puede ser que la célula de levadura comprende los 4 genes alélicos siguientes:

1) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 12 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y

2) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 13 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y

3) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 14 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y

4) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 15 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En una realización, el genotipo IV puede ser la presencia de los 4 genes alélicos siguientes:

- 1) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 12 y
- 2) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 13 y
- 3) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 14 y

4) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 15.

En una realización, el genotipo IV puede ser la presencia de los 3 genes alélicos siguientes:

- 5 1) dos genes que codifican IMA1p de SEQ ID NO: 21 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 10 2) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 22 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En una realización, el genotipo IV puede ser la presencia de los 3 genes alélicos siguientes:

- 15 1) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 23 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 20 2) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 24 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 20 3) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 25 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

25 En una realización, el genotipo IV puede ser la presencia de los 5 genes alélicos siguientes:

- 3) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 12 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 30 4) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 13 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 35 5) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 1 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 35 6) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 14 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 40 7) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 15 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En una realización, el genotipo IV puede ser la presencia de los 6 genes alélicos siguientes:

- 45 1) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 2 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 50 2) al menos dos genes que codifican IMA1p de SEQ ID NO: 3 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 50 3) al menos dos genes que codifican IMA1p de SEQ ID NO: 21 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 55 4) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 22 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En una realización, el genotipo IV puede ser la presencia de los 6 genes alélicos siguientes:

- 60 1) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 5 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y

- 2) al menos dos genes que codifican IMA1p de SEQ ID NO: 33 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 5 3) al menos dos genes que codifican IMA1p de SEQ ID NO: 4 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 4) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 24 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 10 5) al menos dos genes que codifican IMA1p de SEQ ID NO: 23 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 6) un gen que codifica IMA1p de SEQ ID NO: 25 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de
- 15 identidad de secuencia con la misma.

La célula de levadura puede tener, por ejemplo, el genotipo IV cuando la célula de levadura tiene las características I, II, IX y/u XI.

20 Genotipo V

- La célula de levadura descrita en esta invención puede tener el genotipo V, donde el genotipo V es la presencia de un gen que codifica IMA5p. El genotipo V también puede ser la presencia de al menos dos genes alélicos que codifican IMA5p. En particular, se prefiere que la célula de levadura descrita en esta invención comprenda al menos un gen
- 25 alélico que codifica IMA5p seleccionada del grupo que consiste en IMA5p de SEQ ID NO: 16, IMA5p de SEQ ID NO: 17 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas. preferiblemente, el genotipo V es la presencia de al menos dos genes que codifican IMA5p de SEQ ID NO: 16 o IMA5p de SEQ ID NO: 17 o un homólogo funcional de cualquiera de las antes mencionadas que comparte al
- 30 menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

- En una realización, la célula de levadura comprende al menos dos genes alélicos que codifican IMA5p seleccionados individualmente de entre genes que codifican IMA5p de SEQ ID NO: 16, IMA5p de SEQ ID NO: 17, IMA5p de SEQ ID
- 35 NO: 34, IMA5p de SEQ ID NO: 35, IMA5p de SEQ ID NO: 36 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionados que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

En particular, el genotipo V puede ser que la célula de levadura comprende los 2 genes alélicos siguientes:

- 40 1) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 16 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 45 2) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 17 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En una realización, el genotipo V puede ser que la célula de levadura comprende los 3 genes alélicos siguientes:

- 50 1) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 16 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 2) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 17 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de
- 55 identidad de secuencia con la misma; y
- 3) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 34 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

- 60 En una realización, el genotipo V puede ser que la célula de levadura comprende los 2 genes alélicos siguientes:

- 1) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 35 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos

80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y

- 2) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 36 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En particular, el genotipo V puede ser la presencia de los 2 genes siguientes:

- 1) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 16 y
2) un gen que codifica IMA5p de SEQ ID NO: 17.

La célula de levadura puede tener, por ejemplo, el genotipo V cuando la célula de levadura tiene las características I, II, IX y/u XI.

15 Genotipo VI

La célula de levadura según la invención tiene el genotipo VI, donde el genotipo VI es la presencia de al menos 2 genes alélicos que codifican AGT1. En particular, se prefiere que la célula de levadura según la invención comprenda al menos 2 genes alélicos que codifican AGT1 seleccionada del grupo que consiste en AGT1 de SEQ ID NO: 18, AGT1 de SEQ ID NO: 19, AGT1 de SEQ ID NO: 20, AGT1 de SEQ ID NO: 26, AGT1 de SEQ ID NO: 27, AGT1 de SEQ ID NO: 28, AGT1 de SEQ ID NO: 29, AGT1 de SEQ ID NO: 30, AGT1 de SEQ ID NO: 31, AGT1 de SEQ ID NO: 32 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 % de identidad de secuencia con las mismas.

En una realización, la célula de levadura puede tener el genotipo VI, donde el genotipo VI es la presencia de al menos 2 genes alélicos que codifican AGT1 de longitud completa. En particular, se prefiere que la célula de levadura según la invención comprenda al menos 2 genes alélicos que codifican AGT1 seleccionada del grupo que consiste en AGT1 de SEQ ID NO: 18, AGT1 de SEQ ID NO: 19, AGT1 de SEQ ID NO: 20, AGT1 de SEQ ID NO: 27, AGT1 de SEQ ID NO: 28, AGT1 de SEQ ID NO: 30, AGT1 de SEQ ID NO: 31, AGT1 de SEQ ID NO: 32 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 % de identidad de secuencia con las mismas.

En una realización, el genotipo VI puede ser que la célula de levadura comprende los 3 genes alélicos siguientes:

- 1) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 18 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
2) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 19 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
3) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 20 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

En particular, el genotipo VI puede ser la presencia de los 3 genes alélicos siguientes:

- 1) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 18 y
2) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 19 y
3) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 20.

En una realización, el genotipo VI puede ser que la célula de levadura comprende los dos genes que codifican AGT1 siguientes:

- 1) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 27 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
2) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 28 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.

3.

En una realización, el genotipo VI puede ser que la célula de levadura comprende los 3 genes alélicos que codifican AGT1 siguientes:

- 5 1) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 30 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 10 2) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 31 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma; y
- 15 3) un gen que codifica AGT1 de SEQ ID NO: 32 o un homólogo funcional de la misma que comparte al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con la misma.
- 15 La célula de levadura puede tener, por ejemplo, el genotipo VI cuando la célula de levadura tiene las características I, II, IX y/u XI.

Homólogo funcional

- 20 El término "homólogo funcional", como se emplea en esta invención denota un polipéptido que comparte al menos una función biológica con un polipéptido de referencia. En general, dicho homólogo funcional también comparte una identidad de secuencia significativa con el polipéptido de referencia.
- 25 preferiblemente, un homólogo funcional de un polipéptido de referencia es un polipéptido que tiene la misma función biológica que la proteína de referencia y comparte un grado alto de identidad de secuencia con el polipéptido de referencia.

- Un grado alto de identidad de secuencia indica la probabilidad de que la primera secuencia se derive de la segunda secuencia. La identidad de la secuencia de aminoácidos requiere secuencias de aminoácidos idénticas entre dos secuencias alineadas. Por tanto, una secuencia candidata que comparte 80 % de identidad de aminoácidos con una
- 30 secuencia de referencia, requiere que, después de la alineación, 80 % de los aminoácidos de la secuencia candidata sean idénticos a los aminoácidos correspondientes de la secuencia de referencia. La identidad según la presente invención se determina mediante la ayuda del análisis informático, tal como, sin limitaciones, el programa de alineación por ordenador ClustalW (Higgins D., Thompson J., Gibson T., Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ, 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific
 - 35 gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res. 22:4673-4680), y los parámetros predeterminados sugeridos en el mismo. El software ClustalW está disponible como ClustalW WWW Service en el Instituto Europeo de Bioinformática <http://www.ebi.ac.uk/clustalw>. Usando este programa con sus parámetros predeterminados, se alinean la parte madura (bioactiva) de una consulta y un polipéptido de referencia. El número de residuos totalmente conservados se cuenta y se divide por la longitud del polipéptido de referencia. Por tanto, la identidad de secuencia
 - 40 se determina a lo largo de toda la longitud del polipéptido de referencia.

- Se puede preferir que los aminoácidos conservados se conserven en el homólogo funcional. Los aminoácidos conservados se pueden identificar preparando una alineación de un polipéptido similar y usando dicha alineación que identifica residuos de aminoácidos conservados entre los polipéptidos. Los ejemplos de alineaciones útiles se
- 45 presentan en las figuras 5-12 de esta invención.

Procedimiento para producir una bebida

- 50 Un aspecto de la invención es proporcionar procedimientos para producir una bebida, comprendiendo dicho procedimiento las etapas de:

- a) proporcionar un líquido de partida,
- b) proporcionar una célula de levadura según la invención, p. ej., una célula de levadura que tiene las características II y VIII y los genotipos IV y VI descritos anteriormente,
- 55 c) fermentar dicho líquido de partida con dicha célula de levadura,

produciendo de ese modo una bebida.

- 60 El líquido de partida puede ser en particular un extracto de cereales, tal como mosto. Dicho líquido de partida se puede preparar, por ejemplo, preparando un extracto de malta mediante maceración y, opcionalmente, lavado de bagazo como se describe en esta sección de esta invención.

La malta son granos de cebada que han sido malteados. Por el término “malteado” se debe entender la germinación de granos de cebada sometidos a remojo en un procedimiento que tiene lugar en condiciones ambientales controladas, seguida de una etapa de secado. Dicha etapa de secado puede ser preferiblemente el secado en horno de los granos germinados a temperaturas elevadas.

5

La secuencia de acontecimientos del malteado antes mencionada es importante para la síntesis de numerosas enzimas que provocan la modificación del grano, procedimientos que principalmente despolimerizan las paredes celulares del endospermo muerto para movilizar los nutrientes del grano y activar otras despolimerasas. En el procedimiento de secado posterior, se generan el sabor y color debido a las reacciones de oscurecimiento químico.

10

El remojo se puede realizar mediante cualquier procedimiento convencional conocido por el experto en la materia. Un ejemplo no limitante implica el remojo a una temperatura en el intervalo de 10 a 25 °C con condiciones secas y húmedas alternas. La germinación se puede realizar mediante cualquier procedimiento convencional conocido por el experto en la materia. Un ejemplo no limitante implica la germinación a una temperatura en el rango de 10 a 25 °C,

15 opcionalmente con temperatura variable en el intervalo de 1 a 4 h.

El secado en horno se puede realizar a temperaturas convencionales, tales como al menos 75 °C, por ejemplo, en el intervalo de 80 a 90 °C, tal como en el intervalo de 80 a 85 °C. Por tanto, la malta se puede producir, por ejemplo, mediante cualquiera de los procedimientos descritos por Briggs y col. (1981) y por Hough y col. (1982). Sin embargo,

20

también se puede usar cualquier otro procedimiento adecuado para producir malta con la presente invención, tal como procedimientos para la producción de maltas especiales, que incluyen, pero no se limitan a, procedimientos de tueste de la malta.

La malta se puede procesar adicionalmente, por ejemplo, mediante molienda. preferiblemente, la molienda se realiza

25

en estado seco, es decir, la malta se muele mientras está seca.

La malta, p. ej., la malta molida, se puede macerar para preparar un extracto acuoso de dicha malta. El líquido de partida para preparar la bebida puede ser un extracto acuoso de malta, p. ej., un extracto acuoso de malta preparado mediante maceración.

30

Por tanto, el procedimiento para preparar una bebida según la invención puede comprender una etapa de producir mosto macerando malta y, opcionalmente, adjuntos adicionales. Dicha etapa de maceración también puede comprender opcionalmente lavado de bagazo y, por consiguiente, dicha etapa de maceración puede ser una etapa de maceración que incluye una etapa de lavado de bagazo o una etapa de maceración que excluye una etapa de lavado

35

de bagazo.

En general, la producción de mosto se inicia mediante la molienda de malta y/o cebada. Si se añaden adjuntos adicionales, estos también se pueden moler en función de su naturaleza. Si el adjunto es un cereal, por ejemplo, se puede moler, mientras que los almíbares, azúcares y similares generalmente no se muelen. La molienda facilitará el

40

acceso de agua a las partículas de grano en la fase de maceración. Durante la maceración se puede continuar la despolimerización enzimática de los sustratos iniciada durante el malteado.

En general, el mosto se prepara combinando e incubando malta molida y agua, es decir, en un proceso de maceración. Durante la maceración, la composición de malta/líquido se puede enriquecer con composiciones adicionales de

45

adjuntos ricos en carbohidratos, por ejemplo, adjuntos de cebada, maíz o arroz molidos. Los adjuntos de cereales sin maltear normalmente contienen poca o ninguna enzima activa, lo que hace importante enriquecerlos con malta o enzimas exógenas para proporcionar las enzimas necesarias para la despolimerización de polisacáridos, etc.

Durante la maceración, la malta molida y/o cebada molida y, opcionalmente, los adjuntos adicionales, se incuban con una fracción líquida, tal como agua. La temperatura de incubación se mantiene en general constante (maceración isotérmica) o se aumenta gradualmente, por ejemplo, de forma secuencial. En cualquier caso, las sustancias solubles de la malta/cebada/adjuntos se liberan a dicha fracción líquida. Una filtración posterior permite la separación del mosto y las partículas sólidas residuales, estas últimas también denominadas “bagazo”. El mosto así obtenido también se puede denominar “primer mosto”. Se puede añadir líquido adicional, tal como agua, al bagazo durante un

55

procedimiento también denominado lavado de bagazo. Después del lavado de bagazo y la filtración, se puede obtener un “segundo mosto”. Se pueden preparar mostos adicionales repitiendo el procedimiento. Los ejemplos no limitantes de procedimientos adecuados para la preparación de mosto son descritos por Briggs y col. (arriba) y Hough y col. (arriba).

Como se mencionó anteriormente, la composición de mosto se puede preparar macerando granos de cebada sin maltear. Los granos de cebada sin maltear carecen, o contienen solo una cantidad limitada, de enzimas beneficiosas para la producción de mosto, tales como enzimas capaces de degradar las paredes celulares o enzimas capaces de

60

despolimerizar el almidón para proporcionar azúcares. Por tanto, en las realizaciones de la invención en las que se usa cebada sin maltear para macerar, se prefiere que se añadan una o más enzimas externas para la fabricación de cerveza adecuadas a la masa de malta. Las enzimas adecuadas pueden ser lipasas, enzimas degradadoras de almidón (p. ej., amilasas), glucanasas. [preferiblemente (1-4)- y/o (1-3,1-4)- β -glucanasas], y/o xilanasas (tales como 5 arabinoxilanasas), y/o proteasas o mezclas de enzimas que comprenden una o más de las enzimas antes mencionadas, p. ej., Cereflo, Ultraflo u Ondea Pro (Novozymes).

La composición del mosto también se puede preparar usando una mezcla de granos de cebada malteados y sin maltear, en este caso se pueden añadir una o más enzimas adecuadas durante la preparación. Más específicamente, 10 la cebada de la invención se puede usar junto con malta en cualquier combinación para macerar, con o sin enzimas externas para la para la fabricación de cerveza, tal como, pero no limitada a, las proporciones de cebada:malta = aproximadamente 100:0, o aproximadamente 75:25, o aproximadamente 50:50, o aproximadamente 25:75.

En otras realizaciones de la invención, se prefiere que no haya enzimas externas, en particular que no se añada 15 proteasa externa, y/o celulasa externa y/o α -amilasa externa y/o β -amilasa externa y/o α -amilasa maltogénica externa antes o durante la maceración.

El mosto obtenido después de la maceración también se puede denominar "mosto dulce". En los procedimientos convencionales, el mosto dulce se hierve con o sin lúpulo, después de lo cual se puede denominar mosto hervido. 20

El término "aproximadamente", como se emplea en esta invención, significa ± 10 %, preferiblemente ± 5 %, aún más preferiblemente ± 2 %.

El mosto se puede calentar o hervir antes de someterlo a fermentación con la levadura de la invención. El primero, 25 segundo y el resto mostos adicionales se pueden combinar y someter posteriormente a calentamiento o ebullición. El mosto se puede calentar o hervir durante cualquier cantidad de tiempo adecuada, p. ej., en el intervalo de 60 min a 120 min.

Por tanto, el líquido de partida puede ser mosto preparado, por ejemplo, como se describió anteriormente. La bebida 30 se puede preparar mediante fermentación del líquido de partida, p. ej., mediante fermentación de mosto. La bebida puede ser, en una realización preferida, bebidas de malta, aún más preferido bebidas fermentadas, tales como bebidas de malta fermentadas, preferiblemente bebidas alcohólicas, tales como cerveza.

La bebida puede ser una bebida no alcohólica, tal como cerveza sin alcohol u otra clase de bebida no alcohólica, tal 35 como bebidas de malta sin alcohol, tales como maltina.

En una realización preferida, la bebida es cerveza, por ejemplo, la cerveza puede ser una cerveza Lager o una Ale. Por tanto, la cerveza se puede seleccionar, por ejemplo, del grupo que consiste en Altbier, Amber Ale, Barley Wine, Berliner Weisse, Bière de Garde, Bitter, Blonde Ale, Bock, Brown Ale, California Common, Cream Ale, Dortmunder 40 Export, Doppelbock, Dunkel, Dunkelweizen, Eisbock, Fruit Lambic, Golden Ale, Gose, Gueuze, Hefeweizen, Helles, India Pale Ale, Kölsch, Lambic, Light Ale, Maibock, Malt Licor, Mild, Märzenbier, Old Ale, Oud Bruin, Pale Ale, Pilsener, Porter, Red Ale, Roggenbier, Saison, Scotch Ale, Steam Beer, Stout, Schwarzbier, Lager, Witbier, Weissbier y Weizenbock.

45 Por tanto, la invención también se refiere a procedimientos para producir una bebida que comprenden las etapas de:

- (i) proporcionar una composición de malta;
- (ii) procesar dicha composición de malta para proporcionar una bebida.

50 En términos generales, las bebidas alcohólicas, tales como la cerveza, se pueden fabricar a partir de granos de cebada malteados y/o sin maltear. La malta, además del lúpulo y la levadura, contribuye al sabor y color de la cerveza. Asimismo, la malta actúa como una fuente de azúcar fermentable y enzimas. Se pueden encontrar descripciones no limitadas de ejemplos de procedimiento adecuados para el malteado y la fabricación de cerveza, por ejemplo, en publicaciones de Briggs y col. (1981) y Hough y col. (1982). Se dispone de numerosos procedimientos actualizados 55 regularmente para el análisis de productos de cebada, malta y cerveza, por ejemplo, pero no limitados a, American Association of Cereal Chemists (1995), American Society of Brewing Chemists (1992), European Brewery Convention (1998) e Institute of Brewing (1997). Se reconoce que se emplean muchos procedimientos específicos para una fábrica de cerveza determinada, estando relacionadas las variaciones más significativas con las preferencias de los consumidores locales. Cualquiera de tales procedimientos para producir cerveza se puede usar con la presente 60 invención.

La primera etapa para producir cerveza a partir de mosto implica preferiblemente calentar dicho mosto como se

describió anteriormente en esta invención, seguido de una fase posterior de enfriamiento del mosto y, opcionalmente, la limpieza y clarificado del mosto hervido. Después de enfriarlo, el mosto se puede transferir a tanques de fermentación que contienen levadura según la invención, es decir, levadura que tiene una o más de las características I a X descritas anteriormente. El mosto se fermentará durante cualquier periodo de tiempo adecuado, en general, en el intervalo de 1 a 100 días. La fermentación se realiza a cualquier temperatura útil, p. ej., a una temperatura en el intervalo de 1020 °C.

Durante el procedimiento de fermentación de varios días, el azúcar se convierte en alcohol y CO₂ de forma simultánea al desarrollo de algunas sustancias aromatizantes.

Posteriormente, la cerveza se puede procesar adicionalmente, por ejemplo, enfriar. También se puede filtrar y/o someter a fermentación inferior: un procedimiento que desarrolla un aroma agradable y un sabor menos lupulado. También se pueden añadir aditivos. Asimismo, se puede añadir CO₂. Por último, la cerveza se puede ser pasteurizar y/o filtrar antes de su envasado (p. ej., embotellado o enlatado).

La cerveza producida mediante fermentación con la levadura según la invención en general tiene un sabor más agradable. El sabor puede ser analizado, por ejemplo, por un jurado de degustación de cerveza especializado. preferiblemente, dicho jurado está formado en la degustación y descripción de sabores de la cerveza, con un enfoque especial en los aldehídos, el sabor a cartón o papel, el sabor añejo, los ésteres, los alcoholes superiores, los ácidos grasos y los componentes azufrados.

En general, el jurado de degustación consistirá en el abanico de 3 a 30 miembros, por ejemplo, en el abanico de 5 a 15 miembros, preferiblemente en el abanico de 8 a 12 miembros. El jurado de degustación puede evaluar la presencia de diversos sabores, tales como sabor a papel o cartón, sabores oxidados, añejos y lupulados, así como sabores de ésteres, alcoholes superiores, componentes de azufre y el cuerpo de la cerveza.

Listado de secuencias

SEQ ID NO: 1	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo corto exclusivo de la levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 2	Secuencia de aminoácidos de IMA1p short_from Hybrid yeast 4
SEQ ID NO: 3	Secuencia de aminoácidos de IMA1p short_from Hybrid yeast_4
SEQ ID NO: 4	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo corto de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 5	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo corto de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 6	Secuencia de aminoácidos de DAL5 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 7	Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo Sc de levadura Ale 1
SEQ ID NO: 8	Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo Sc de levadura Lager 1
SEQ ID NO: 9	Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 10	Secuencia de aminoácidos parcial de UBR1 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 11	Secuencia de aminoácidos de UBR1 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 12	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo Sc corto de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 13	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo Sc corto de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 14	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por el alelo Sc largo de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 15	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo Sc largo de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 16	Secuencia de aminoácidos de IMA5p de la levadura híbrida 1 codificada por un alelo no Sc de gen tipo IMA5
SEQ ID NO: 17	Secuencia de aminoácidos de IMA5p de levadura híbrida 1 codificada por un alelo Sc de gen tipo IMA5
SEQ ID NO:	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 1 codificada por un alelo no Sc

ES 2 812 674 T3

18	
SEQ ID NO: 19	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 1 codificada por un alelo Sc
SEQ ID NO: 20	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 1 codificada por un alelo Sc
SEQ ID NO: 21	Secuencia de aminoácidos de IMA1p de levadura híbrida 4 codificada por un alelo de IMA1 largo
SEQ ID NO: 22	Secuencia de aminoácidos de IMA1p de levadura híbrida 4 codificada por un alelo de IMA1 largo
SEQ ID NO: 23	Secuencia de aminoácidos de IMA1p de levadura híbrida 7 codificada por un alelo de IMA1 largo
SEQ ID NO: 24	Secuencia de aminoácidos de IMA1p de levadura híbrida 7 codificada por un alelo de IMA1 largo
SEQ ID NO: 25	Secuencia de aminoácidos de IMA1p de levadura híbrida 7 codificada por un alelo de IMA1 largo
SEQ ID NO: 26	Secuencia de aminoácidos de AGT1 truncada de levadura híbrida 4 codificada por un alelo Sc
SEQ ID NO: 27	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 4 codificada por un alelo no Sc
SEQ ID NO: 28	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 4 codificada por un alelo no Sc
SEQ ID NO: 29	Secuencia de aminoácidos de AGT1 truncada de levadura híbrida 7 codificada por un alelo Sc
SEQ ID NO: 30	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 7 codificada por un alelo Sc
SEQ ID NO: 31	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 7 codificada por un alelo no Sc
SEQ ID NO: 32	Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 7 codificada por un alelo no Sc
SEQ ID NO: 33	Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo corto de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 34	Secuencia de aminoácidos de IMA5 de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 35	Secuencia de aminoácidos de IMA5 de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 36	Secuencia de aminoácidos de IMA5 de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 37	Secuencia de aminoácidos parcial de PTR2 de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 38	Secuencia de aminoácidos de PTR2 de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 39	Secuencia de aminoácidos de DAL5 de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 40	Secuencia de aminoácidos de DAL5 de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 41	Secuencia de aminoácidos parcial de UBR1 de levadura híbrida 7
SEQ ID NO: 42	Secuencia de aminoácidos de UBR1 de levadura híbrida 7

ES 2 812 674 T3

SEQ ID NO: 43	Secuencia de aminoácidos de PTR2 de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 44	Secuencia de aminoácidos de PTR2 de levadura híbrida 1
SEQ ID NO: 45	Secuencia de aminoácidos parcial de UBR1 de levadura híbrida 1

SEQ ID NO: 1

Secuencia de aminoácidos de SHORT_IMA1_from Hybrid yeast_1

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGMKFITDLVINHCSSSEHEWFKESRSSKTNPKRD
WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWTFDEKTQEFYLRLFCSTQPDNLWENEDCRKAIY
ESAVGYWLDHGVDGFRIDVGSLYSKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
IRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNFSSHTDVGTSPLFRYNLVPFELKD
WKIALAELFRYINGTDCWSTIYLENHDQPRSITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
QGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGFDFKF
IDLDNKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDASSRTLKPW
EGRIHINE.

5

SEQ ID NO: 2

Secuencia de aminoácidos de SHORT_IMA1_from Hybrid Yeast_4

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGMKFITDLVINHCSSSEHEWFKESRSSKTNPKRD
WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWTFDEKTQEFYLRLFCSTQPDNLWENEDCRKAIY
ESAVGYWLDHGVDGFRIDVGSLYSKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
IRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNFSSHTDVGTSPLFRYNLVPFELKD
WKIALAELFRYINGTDCWSTIYLENHDQPRSITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
QGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGFDFKF
IDLDNKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDASSRTLKPW
EGRIYINE

10

SEQ ID NO: 3

Secuencia de aminoácidos de SHORT_IMA1_from Hybrid yeast_4_

15

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGMKFITDLVINHCSSSEHEWFKESRSSKTNPKRD
WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWTFDEKTQEFYLRLFCSTQPDNLWENEDCRKAIY
ESAVGYWLDHGVDGFRIDVGSLYSKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
IRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNFSSHTDVGTSPLFRYNLVPFELKD
WKIALAELFRFINGTDCWSTIYLENHDQPRSITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
QGQELGQINFKNWSVEKYEDVEIRNNYRLIKEECGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGFDFKF
IDLDNKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDASSRTLKPW
EGRIHINE.

SEQ ID NO: 4

Secuencia de aminoácidos de SHORT_IMA1_from Hybrid yeast_7_

20

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGMKFITDLVINHCSSSEHEWFKESRSSKTNPKRD
WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKSYPFGGSAWTFDEKTQEFYLRFLCSTQPDNLWENEDCRKAIY
ESAVGYWLDHGVDGFRIDVGSLSYKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
IRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNFSDVDVGTSPFLFRYNLVPFELKD
WKIALAELFRYINGTDCWSTIYLENHDQPRSITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
QGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGFDFKF
IDLNDKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDVSSRTLKPW
EGRIYINE.

SEQ ID NO: 5

Secuencia de aminoácidos de SHORT_IMA1_from_Hybrid_7_

5

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGMKFITDLVINHCSSSEHEWFKESRSSKTNPKRD
WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKSYPFGGSAWTFDEKTQEFYLRFLCSTQPDNLWENEDCRKAIY
ESAVGYWLDHGVDGFRIDVGSLSYKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
IRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNFSDVDVGTSPFLFRYNLVPFELKD
WKIALAELFRYINGTDCWSTIYLENHDQPRSITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
QGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGFDFKF
IDLNDKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDASSRTLKPW
EGRIYINE.

SEQ ID NO: 6

Secuencia de aminoácidos de DAL5 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 1

10

MSADASTNSNASLDEKNLNTSEAEIKNEDVTAEPVLSTVLSPNGKIVYISDKVDEAMKLAEEA
KEIEVTPEEDRKLRWKIDYCMFPLMCILYAVQFMDKISTSSAAMGLRDLKMHGDQYSWVTS
FYFGYLFMNLGPVQFIFQRTSHMSKMLAVFIVIWGMLLALHAAPTVMKPSFIVLRVLLGCAESV
VTPCFTIITAQYWKTEEQFTRVSIWFGMNLGSLILINAIAYGVYIHQDSYAIKGWRTLFTVITGV
ITIFIGILIFLWIPDDPSKARFLSKREKLMVVQRIRSNQQGFNGHEIKKYQIIIEALKDVRTWLY
FLFTVSSNIPNGGSSFMSSILLNSDFGYSSKETLLMGLPTGAVELVGCPLFGILAVYAANKKIP
FWKYKLSWAIFA AVLALIASCMLGFATNSKKARLAGAYLWYISPVSFICVLSNISANSSGYSKK
WTVSSINLVAYAAANLAGPQTFIAKQAPKYHGAKVAMVVCYAVMIVLLSILLIVNLRENKRDK
IAAERGFPEETENLEFSDLTDFENPNFRYTL.

SEQ ID NO: 7

Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo Sc de levadura Ale 1

15

MLNHPSQGSDDAQDEKQGDFFVIEEEKTQAVMLKDSYVSDDVANSTERYNLSPSPEDEDFEAPT
EEMQTLRHVGGKIPMRCWLI AIVELSERFSYYGLSAPFQNYMEYGPNDSPKGVLSLNSQGATG
LSYFFQFWCYVTPVFGGYVADTFWGKYNTICCGTAIYIAGIFILFITSIPSVGNRDSAIGGFIA
AIIILIGIATGMIKANLSVLIADQLPKRKPSIKVLKSGERVIVDSNITLQNVFMFFYFMINVGS
SLMATTELEYHKGFWAAYLLPFCFFWIAVVTLIFGKKQYIQRPIGDKVIAKSFKVCWILTCKNF
DFNAAKPSVHPEKNYPWNDKFVDEIKRALAACKVFIFYPIYWTQYGTMISSFITQASMELHGI
PNDFLQAFDSIALIIFIPIFEKFVYFPFIRRYTLPKPITKIFXGFMFGSFAMTAAVLQSFVYKA
GPWYNEPLGHNTPNHVVHCWQIPAYVLISFSEIFASITGLEAYASKAPASMSFIMSIFLLTNA
FGSAIGCALSPVTVDPKFTWLFTGLAVACFISGCLFWLCFRKYNDTEEMNAMDYEEENEFDLN
PISAPKANDIEILEPMDSLRSTAKY.

SEQ ID NO: 8

Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo Sc de levadura Lager 1

20

MLNHPSQGSDDAQDEKQGDFPVIEEEKTQAVTLKDSYVSDDVANSTERYNLSPSPEDEDFEAPT
 EEEMQTLRHVGGKIPMRCWLIAIVELSERFSYYGLSAPFQNYMEYGPNDSPKGVLSLNSQGATG
 LSYFFQFWCYVTPVFGGYVADTFWGKYNTICCGTAIYIAGIFILFITSIPSVGNRDSAIGGFIA
 AIIILIGIATGMIKANLSVLIADQLPKRKPSIKVLKSGERVIVDSNITLQNVFMFFYFMINVGSL
 SLMATTELEYHKGFWAAYLLPFCFFWIAVVTLIFGKKQYIQRPVGDKVIKSFKVCWILTKNKF
 DFNAAKPSVHPEKNYPWNDKFVDEIKRALAACKVFIFYPIYWTQYGTMISSFITQASMELHGI
 PNDFLQAFDSIALIIFIPIFEKFFVYPFIRRYTLPKPKITKIFFGFMFGSFAMTAAVLQSFVYKA
 GPWYNEPLGHNTPNHVHVCWQIPAYVLISFSEIFASITGLEAYASKAPASMKSFIMSIFLLTNA
 FGSAIGCALSPVTVDPKFTWLFTGLAVACFISGCLFWLCFRKYNDTEEMNAMDYEEDEFDLN
 PISAPKANDIEILEPMESLRSTTKY

SEQ ID NO: 9

Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 1

5

MLNHLISQGSDDIQDEKQGDFPVIEEKNQTVTLKDSYVSDDAANSTEHYNLSPSLEEDEFEAPT
 DEELRSLRHVGGKIPMRCWLIAIVELSERFSYYGLSAPFQNYMEYGPNDTPKGVLSLNSQGATG
 LSYFFQFWCYVTPVFGGYVADTFWGKYNTICCGTAIYIAGIFILLITSIPSVGNRDSALGGFIA
 SIILIGIATGMIKANLSVLIADQLPKRKPSIKVLKSGERVIVDSNITLQNVFMFFYFMINVGSL
 SLMATTELEYHKGFWAAYLLPFCFFWVAVVTLVFGKKQYIQRPIGDKVIKSFRCWILTKNKF
 DFNAAKPSVHPEKEYPWNDKFVDEIKRALAACKVFIFYPIYWTQYGTMISSFITQAGMMELHGI
 PNDFLQAFDSIALIIFIPIFEKFIYPIFYRYTLPKPKITKIFFGFMFGSLAMTAAVLQSFVYKA
 GPWYSAPLGHNTPNHVHVCWQIPAYVLISFSEIFASITGLEAYASKAPASMKSFIMSIFLLTNA
 FGSAIGCALSPVTVDPKFTWLFTGLAVACFISGCLFWFCFRKYNDTEEMNAMDYEEDEFDLN
 PISQPKGNDIEILEPMGSLKSTTKY

SEQ ID NO: 10

Secuencia de aminoácidos incompleta de UBR1 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 1

10

FKEFCKVEGGVLIWQRVQKSNLTKSYSISFKQGLYTVETLLSKVHDPNIPLRPKEIISLLTLCK
 LFNGAWKIKRKEGEHVLHEDQNFISYLEYTTISIYSIIQTAEKVSEKSKDSIDSKFLNAIRIIS
 SFLGNRSLTYKLIYDSHEVIKFSVSHERVAFMNPLQTMLSFLIEKVSLKDAYEALEDCSDFLKI
 SDFSLRSVVLCSQIDVGFWRNGMSVLHQASYKNNPELGSYSRDIHLNQLAILWERDDIPRII
 YNILDRWELLDWFTGEVDYQHTVYEDKISFIIQQFIAFIYQILTERQYFKTFSSLKDRMDQIK
 NSIIYNLYMKPLSYSKLLRSVPDYLTEDTTEFDEALEEVSFVVEPKGLADNGVFKLKASLYAKV
 DPLKLLNLENEFESS

SEQ ID NO: 11

15 Secuencia de aminoácidos de UBR1 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 1

MSFTDNGLGSLKAHIRRTLRSIHNLPHYFRFTRGPTERADMSRALKEFIYRYLYFIIISNDGENLS
 TLFTAHPKQKSSNQELAVFPESLEDAVDVKITSQGTFFPYKIDESKIGDVHKHTGRNCGRKFK
 IGEPLYRCHECGCDDTCVLCIHCNPKDHVNHVCTDICSEFTSGICDCGDEEAWNSSLHCKAE
 EQGNDTSEDPSNFDSTKQKDVWNDPEICIALVELVLSEVFDYFIDVFNQNIPLPTIQKDITIKL
 REMTQQGKMYERAQFLNDLKYENDYMFDTTAKTSPSNSPEASPSLAKIDPENYTVIIYNDEY
 HNYSQATTALRQGVDPNVHIDLLTSRIDGEGRAMLKCSQDLSSVLGGFFAVQTNGLSATLTSWS
 EYLHQEACKYIILWITHCLNIPNPSFQITFRNMMGKSLCSEYLNATESRDMTPVVEKYFSTKFD
 KDDPYRYIDLSVLAEGNQIPLGHHKVLPESSTHSLSTLINDVENLTSKEYSNTRLQHILYFDNR
 YWKRLRKDIQNVIIPTLASSTLYKPIFCQQVVEIFNHITRSVAYMDREPQLTAIRECVVQLFTC
 PTNTRNIFENQSFLDILWSIIDIFKEFKVEAGVLIWQVRVQKSNLTKSYSLSFQGLYTVETLL
 SKVNDPNITIRPKVFISLLTLGKLFNGAWKIKRKEGEHVLHEDQNFISYLEYTTISIYIIQTAE
 KVLEKSHDSLNLVLNAIRIVSSFLGNRSPTYKLIYDSHEIIKFSVSHERVAFMNPIQTMLSF
 LIEKVSCLKDAYESLENCDFLKIADFSLSRVVLCSDIDVGFVVRNGMSVLHQASYKKNPELGS
 YSRDIHLNQLAIIWERDDLPRVIYNILDRWELLDWFMGEAEYQHTVYEDKISFMIQQFIAFIYQ
 ILTERQYFKTFSLLRDRRMDMIKNSIMYNLYMKPLSYSKLLKSVDPDYLTDDTTEFDEALEEVS
 FVEPKGLADNGVFKLKAALYAKIDPLKLLNLENEFESSATIIKTHLAKNKDEVSKVVLIPQVST
 KLLDKGAMNLGEFTRNTVFAKVIYKLLQVCLDMEDSTFLNELLHLVHGIFKDDDELINGKDSIPE
 AYLAKPICNLLLSIANAKSDIFSESIVRKADYLLEKMIMKKPDEIFESLIASFQNYIDNYKDK
 KLSQGVNLQETEKERKRMAKKHQARLLAKFNNQQSKFMKEHESEFDEQDNDVDMGEEKVYSE
 DFTCALCQDSSSTDFVPIPAYHDHTPIFRPGNIFNPREFMAKWDGFIYNDQKQAYIDDEVLESL
 KENGTRGSRKVFVSCNHHIHNCFKRYVQKKRFSSNAFICPLCQTFSNCTLPICPTSRANTGLS
 LDMFLKSELSDILSRFLPKFTEDNYRTINSIFSLMVSQCQGFQVVRKHVNFTHKDVSLVLSV
 HWANTISMLEVASRLEKPHNISFFRSREQKYKTLKNILICIMLFTFVIGKPSMEFEPYPVESDI
 ICNQNLQFYIVRKSLSFSPASLRETITEALTVECKQFLDDFVQGLSDAEQVDKLYTEAKKLGDV
 YNVDESILITLMSITVVKTEGLESRSIYDLAYTSLKSLLPITRRCLVMVKVLHELKDSNET
 MVIDGFDVEEELEFEGPLGFVDKALKLITDKESFVDFKTKQAIVPSHPYLERIPYEYCGIVKL
 IDLSKFLNTYVTQSKEIKLREERSQHMKNADNRDLFKICLTGKVKVHLRADRHMTKHLNKNCF
 KSFGAFLMPNSSEVCLHLTQPPSNIFVSAPYLNHGEVGRNAMRRGDLTTLNLKRYEHLNRLWI
 NNEIPGYISRVMGDEFVRTILSNGFLFAFNREPRPRRPPTDEDEDDEMEEGEEGFFTEENDMD
 VDDGTGAANLFGVGAEGIGDGGVRNFFQFFENFRNTLQPPQGNDDAPQNPPIQLQFLGPQFD
 GATIIIRNTNQRNLDEDDSSSENDSDEREIW

SEQ ID NO: 12

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo Sc corto de levadura híbrida 1

5

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGKMFITDLVINHCSSEHEWFKESRSSKTNPKRD
 WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKSIFGGSATWTFDEKTQEFYLRFCSTQPDNLWENEDCRKAIY
 ESAVGWLDHGVDGFRIDVGLSKVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
 IRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYSASRHELSELFNSHTDVGTSPLFRYNLVPFELKD
 WKIALAELFRFINGTDCWSTIYLENHDQPRSITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
 QGQELGQINFKNWSVEKYEDVEIRNNYRLIKEECGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
 NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGFDFKF
 IDLDNKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDASSRTLKPW
 EGRIHINE

SEQ ID NO: 13

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo Sc corto de levadura híbrida 1

10

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGKMFITDLVINHCSSSEHEWFKESRSSKTNPKRD
WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWTFDEKTQEFYLR LFCSTQPD LNWENEDCRKAIY
ESAVGYWLDHGVDGFRIDVGS LYSKVVG LDPAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
IRNRVKGGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRYNLVPFELKD
WKIALAELFRFINGTDCWSTIYLENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
QGQELGQINFKNWSVEKYEDVEIRNNYRLIKEECGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGFDFKF
IDL DNKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDASSRTLKPW
EGRIHINE

SEQ ID NO: 14

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo Sc largo de levadura híbrida 1

5

MTISSAHPETEPKWWKEATFYQIYPASF KDSNDDGWGDMKGISSKLEYIKELGVDAIWISPLYD
SPQDDMGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGKMFITDLVINHCSSSEHEWFKESRSSKT
NPKRDWSFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWTFDEKTQEFYLR LFCSTQPD LNWENEDC
RKAIYESAVGYWLDHGVDGFRIDVGS LYSKVVG LDPAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQ
EMNQFIRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRYNLVP
FELKDWKIALAELFRFINGTDCWSTIYLENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTG
TLYVYQGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTP
MPWTPNEPNAGFSGPSAKPWFYLNDSFREGINVEDEIKDPNSVLNFWKEALKFRKAHKDITVYG
YDFEFIDL DNKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDSSFKLEFGNYPKKEVDASSR
TLKPWEGRIYISE

SEQ ID NO: 15

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo Sc largo de levadura híbrida 1

10

MTISSAHPEAEPKWWKEATFYQIYPASF KDSNDDGWGDMKGISSKLEYIKELGADAIWISPFYD
SPQDDMGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGKMFITDLVINHCSSSEHEWLKESRSSKT
NPKRDWFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWIFDEKTQEFYLR LFCSTQPD LNWENEDC
RKAIYESAVGYWLDHGVDGFRIDVGS LYSKVVG LDPAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQ
EMNQFIRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKKLYTSASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRYNLVP
FELKDWKIALAELFRFINGTDCWSTIYLENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTG
TLYVYQGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEAIALISR DHARTP
MQWSREEPNAGFSGPSAKPWFYLNDSFREGINVEDEIKDPNSVLNFWKEALKFRKAHKDITVYG
YDFEFIDL DNKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDSSFKLEFGNYPKKEVDASSR
TLKPWEGRIYISE

SEQ ID NO: 16

Secuencia de aminoácidos de IMA5p de levadura híbrida 1 codificada por un alelo no Sc de un gen tipo IMA5

15

MTIIHNPKWWKEATFYQIYPASF KDSNDDGWGDLGITSKLDYIKELGVDAIWVCPFYDSPQED
MGYDIANYEKVWPRYGTSED CFQMI EESHKRGIKVIVDLVINHCSEEHEWFKESRSSKTN AKRD
WFFWKPPKGYEIDGTPIPPNNWRSFFGGSAWKYDENTEEFFLHV FAPGQPDFN WENKECRQAIY
DSSVGFWLRHNVDGFRIDVGS MYSKVEGLPDASITDPTVPYQDGTDFVNGPRIHEYHKEMRQY
MYTQIPEGKEIMTVGEVGIGNEKDFKDYTSKEEEFNMMFNFKHTSVGESPEFKYELIPFTLKD
FKLALAESFLFIEGTDCWSTIYLENHDQPRSVSRFGSDSPEWREISSKMLATLIISLTGT VFIY
QGQELGMPNFKNRKIEQIKVEGTGTYGAIKRDYGEDSEKMKKFYEALALISR DHGRTPFPWSG
EKPYAGFSKNAKPWIDINESFVEGINAAELNDENS VFFFWKRALQVRKEHK NMLVYGDNFQFY

DLDNEKLFMFTKDSGDKKMFVFNFCSDSTEF SVPDNKASYDMFFGN YANS DGKSYTLKPWEGR
LYYSN

20 SEQ ID NO: 17

Secuencia de aminoácidos de IMA5p de levadura híbrida 1 codificada por un alelo Sc de un gen de tipo IMA5

MTIIHNPKWWKEATVYQIYPASNKDSNNDGWGDLGITSKLDYVKELGVDAIWVCLFYDSPQED
MGYDIANYEKVWPRYGTNEDCFQMIEEAHKRGIKVIVDLVINHCSEEHWFKESSKSTNPKRD
WFFWRPPKGFDEKGNPIPPNNWRSFFGGSAWRYDEKTGEFFLHVAFAPGQPDFNWENEECRKAIY
DSSVGYWLRHNVDGFRIDVGSMSKVEGLPDAPITDPTVPYQKGTEFFINGSRIHEYHKEMRKY
MLSQIPEGKEIMTVGEVGVGNEEDFRDYTSAKEGELNMMFNFKHTSVGESPECKYELIPFTLKD
FKLALAESFLFIENTDCWSTIYLENHDQPRSVSRFGSDSPKWRAISSKMLATLIISLTGTVFIY
QGQELGMSNFKNRRIEQIKVEGTGTAAIKRDYGEDSEKMKKFFEALALISRDHGRTPFPWSA
DEPSAGFSKDAKPRIDMNESFRDGINAEAEKDKNSVFFFWKKALQVRKEHKDILVYGHNFQFI
DLNDKLFMFTKDTDNKKMFAVFNFSDDTDFSVPDNEASYTMFFGNANSNGDSRTLQPWEGR
LYLLK

5 SEQ ID NO: 18

Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 1 codificada por un alelo no Sc

MKNILSLVGRKENTPEDVTANLADTSSTTVMQAKDLVIEDFEERKKNDAFELNHLELTNATQL
SDSDEDKENVIRVAEATDDANEANNEEKSMTLRQALRKYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLS
ALYALPVFQRFKFGTMNAEGSYEITSQWQIGLNCMVLCGEMIGLQITTYMVEFMGNRYTMITALS
LLTAYIFILYYCKSLAMIAVGQILSAMPWGCFSQSLAVTYASEVCPLALRYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLFPALQWIWPAPLIIGIFFAPESPWWLVRKNKIVEAKKSLNR
ILSGTVTEKEIQVDITLKQIEMTIEKERLRASKSGSFFSCFKGVDGRRTRLACLWVAQNSSGA
VLLGYSTYFFERAGMATDKAFTFSLIQYCLGLAGTLGSWVISGRVGRWTILTYGLSFQMVCLFI
IGGMGFASGSSASNAAGGLLLALSFFYNAGIGAVVYCIVAEIPSAELRKTIVLARICYNLMAV
FNAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGGFTALTAWVIIDLPETTGRTFSEINELFSQGVPARKE
ASTVVDPPFGKRLQNRPQVDNIIDRFSSASQQAL

10 SEQ ID NO: 19

Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 1 codificada por un alelo Sc

MKNIIISLVSKKKAASKNEDKNISESSRDIVNQEVFNTENFEEGRKDSAFELDHLEFTINSAQL
GDSDEDNENVINETNTTDDANEANSEEEKSMTLKQALLIYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLN
ALYALPVFQRFKFGTLNGEGSYEITSQWQIGLNCMVQCCEIIGLQITPYMVEFMGNRYTMITALG
LLTAYVFIYYCKSLAMIAVGQVLSAMPWGCQGLTVTYASEVCPLALRYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLFPALQWIWPAPLMIGIFFAPESPWWLVRKDRVAEARKSLSR
ILSGKGAEKDIQIDLTLKQIELTIEKERLLASKSGSFLDCFKGVNGRRTRLACLWVAQNTSGA
CLLGYSTYFFERAGMATDKAFTFSVIQYCLGLAGTLCSWVISGRVGRWTILTYGLAFQMVCLFI
IGGMGFGSGSGASNGAGLLALSFFYNAGIGAVVYCIVTEIPSAELRKTIVLARICYNIMAV
INAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGGFTAVTLAWVIIDLPETSGRTFSEINELFNQGVPARKE
ASTVVDPPFGKGTQHDSLDESISQSSSIKQRELNAADKC

15 SEQ ID NO: 20

Secuencia de aminoácidos de AGT1 de levadura híbrida 1 codificada por un alelo Sc

MKNIIISLVSKKKAASKNEDKNISESSRDIVNQEVFNTENFEEGRKDSAFELDHLEFTINSAQL
GDSDEDNENVINETNTTDDANEANSEEEKSMTLKQALLIYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLN
ALYALPVFQRFKFGTLNGEGSYEITSQWQIGLNCMVQCCEIIGLQITPYMVEFMGNRYTMITALG
LLTAYVFIYYCKSLAMIAVGQVLSAMPWGCQGLTVTYASEVCPLALRYMTSYSNICWLFQ

IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLPPFALQWIWPAPLMIGIFFAPESPWWLVKDRVAEARKSLSR
ILSGKGAEKDIQIDLTCLKQIELTIEKERLLASKSGSFFDCFKGVNGRRRLACL TWVAQNTSGA
CLLGYSAYFFERAGMATDKAFTFSVIQYCLGLAGTLC SWVISGRVGRWTILTYGLAFQMVCLFI
IGGMGFGSGSGASNGAGGLLLALSFFYNAGIGAVVYCI VTEIPSAELRTKTIVLARICYNIMAV
INAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGGFTAVTLAWVIIDLPETSGRTFSEINELFNQGV PARKF
ASTVVDPFFGKGKTQHDSDLDESISQSSSIKQRELNAADKC

SEQ ID NO: 21

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo largo de IMA1 de levadura híbrida 4

5

MTISSAHPETEPKWWKEATFYQIYPASF KDSNDDGWGDMKGISSKLEYIKELGVDAIWI SPFYD
SPQDDMGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLG MKFITDLVINHCSSEHEWFKESRSSKT
NPKRDWFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWIFDEKTQEFYLR LFCSTQPD LNWENEDC
RKAIYESAVGYWLDHGVDGFRIDVGS LYSKVVG LDPAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQ
EMNQFIRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKR LYT SASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRY NLVP
FELKDWKIALAELFRFINGTDCWSTIY LENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTG
TLYVYQGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIR NNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEAIALISR DHARTP
MQWSREEPNAGFSGPSAKPW FYLND SFREGINVEDEIKDPNSVLNFWKEALKFRKA HKDITVYG
YDFEFIDLDNKKLFSFTKKYNNKTLFAALNFSS DATDFKIPNDDSSFKLEFGNYPKKEVDASSR
TLKPWEGRIYISE.

SEQ ID NO: 22

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo largo de IMA1 de levadura híbrida 4

10

MTISSAHPETEPKWWKEATFYQIYPASF KDSNDDGWGDMKGISSKLEYIKELGVDAIWI SPFYD
SPQDDMGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLG MKFITDLVINHCSSEHEWFKESRSSKT
NPKRDWFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWIFDEKTQEFYLR LFCSTQPD LNWENEDC
RKAIYESAVGYWLDHGVDGFRIDVGS LYSKVVG LDPAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQ
EMNQFIRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKR LYT SASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRY NLVP
FELKDWKIALAELFRYINGTDCWSTIY LENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTG
TLYVYQGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIR NNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEAIALISR DHARTP
MQWSREEPNAGFSGPSAKPW FYLND SFREGINVEDEIKDPNSVLNFWKEALKFRKA HKDITVYG
YDFEFIDLDNKKLFSFTKKYNNKTLFAALNFSS DATDFKIPNDDSSFKLEFGNYPKKEVDASSR
TLKPWEGRIYISE.

SEQ ID NO: 23

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo largo de IMA1 de levadura híbrida 7

15

MTISSAHPETEPKWWKEATFYQIYPASF KDSNDDGWGDMKGISSKLEYIKELGVDAIWI SPFYD
SPQDDMGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLG MKFITDLVINHCSSEHEWFKESRSSKT
NPKRDWFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWIFDEKTQEFYLR LFCSTQPD LNWENEDC
RKAIYESAVGYWLDHGVDGFRIDVGS LYSKVVG LDPAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQ
EMNQFIRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKK LYT SASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRY NLVP
FELKDWKIALAELFRFINGTDCWSTIY LENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTG
TLYVYQGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIR NNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEAIALISR DHARTP
MQWSREEPNAGFSGPSAKPW FYLND SFREGINVEDEIKDPNSVLNFWKEALKFRKA HKDITVYG
YDFEFIDLDNKKLFSFTKKYNNKTLFAALNFSS DATDFKIPNDDSSFKLEFGNYPKKEVDASSR
TLKPWEGRIYISE.

SEQ ID NO: 24

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo largo de IMA1 de levadura híbrida 7

20

MTISSAHPETEPKWWKEATFYQIYPASFKDSNDDGWGDMKGISSKLEYIKELGVDAIWISPFYD
SPQDDMGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGKMFITDLVINHCSSHEWFKESRSSKT
NPKRDWFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWTFDEKTQEFYLRFLCSTQPDNLWENEDC
RKAIYESAVGYWLDHGVDGFRIDVGSLSKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQ
EMNQFIRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRYNLVP
FELKDWKIALAELFRYINGTDCWSTIYLENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTG
TLYVYQGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEAIALISR DHARTP
MQWSREEPNAGFSGPSAKPWFYLNDSFREGINVEDEIKDPNSVLNFWKEALKFRKAHKDITVYG
YDFEFIDLDNKKLFSFTKKYNNKTLFAALNFS DATDFKIPNDDSSFKLEFGNYPKKEVDASSR
TLKPWEGRIYISE.

SEQ ID NO: 25

Secuencia de aminoácidos de IMA1p codificada por un alelo largo de IMA1 de levadura híbrida 7

5

MTISSAHPETEPKWWKEATFYQIYPASFKDSNDDGWGDMKGISSKLEYIKELGVDAIWISPFYD
SPQDDMGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGKMFITDLVINHCSSHEWFKESRSSKT
NPKRDWFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKS YFGGSAWTFDEKTQEFYLRFLCSTQPDNLWENEDC
RKAIYESAVGYWLDHGVDGFRIDVGSLSKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQ
EMNQFIRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYTSASRHELSELFNF SHTDVGTSPLFRYNLVP
FELKDWKIALAELFRYINGTDCWSTIYLENHDQPR SITRFGDDSPKNRVISGKLLSVLLSALTG
TLYVYQGQELGQINFKNWPVEKYEDVEIRNNYNAIKEEHGENSEEMKKFLEAIALISR DHARTP
MQWSREEPNAGFSGPSAKPWFYLNDSFREGINVEDEIKDPNSVLNFWKEALKFRKAHKDITVYG
YDFEFIDLDNKKLFSFTKKYNNKTLFAALNFS DATDFKIPNDDSSFKLEFGNYPKKEVDASSR
TLKPWEGRIYISE.

SEQ ID NO: 26

Secuencia de aminoácidos de AGT1 truncada codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 4

10

MKNIIISLVSKKKAASKNEDKNISESSRDI VNQQEVFNTENFEEGKKDSAFELDHLEFTTNSAQL
GDSDEDNENMINEMNATDEANEANSEESMTLKQALLKYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLN
ALYALPVFQRKFGTLNGEGSYEITSQWQIGLNMVCVQCGEMIGLQITTYMVEFMGNRYTMITALG
LLTAYIFILYYCKSLAMIAVGQVLSAMPWGCFQGLTVTYASEVCPLALRYYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDL DYKLPFALQWIWPAPLMIGIFFAPESPWWLVRKDRVAEARKSLSR
ILSGKGAEKDIQVDLTLKQIELTIEKERLLASKSGSFFDCFKGVNGRRLRLACLAWVAQNTSGA
CLLGYSTYFF.

SEQ ID NO: 27

Secuencia de aminoácidos de AGT1 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 4

15

MKNILSLVGRKENTPEDVTANLADTSSTTVMQAKDLVIEDFEERKKND AFELNHLELT TNATQL
SDSDEDKENVIRVAEATDDANEANNEEKSM TLRQALRKYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLS
ALYALPVFQRKFGTMNAEGSYEITSQWQIGLNMVCVLCGEMIGLQITTYMVEFMGNRYTMITALS
LLTAYIFILYYCKSLAMIAVGQILSAMPWGCFQSLAVTYASEVCPLALRYYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLPFALQWIWPAPLIIGIFFAPESPWWLVRKNKIVEAKKSLNR
ILSGTVTEKEIQVDITLKQIEMTIEKERLRASKSGSFFSCFKGVDGRRLRLACL TWVAQNSSGA
VLLGYSTYFFERAGMATDKAFTFSLIQYCLGLAGTLGSWVISGRVGRWTILTYGLSFQMVCLFI
IGGMGFASGSSASNAAGGLLLALSFFYNAGIGAVVYCIVAEIPSAELRTKTIVLARICYNLMAV
FNAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGDFTALT LAWVIIDLPETTGRTFSEINELFSQGV PARKF
ASTVVDPFGKRGLQNR PQVDNIIIDRFSSASQAL.

SEQ ID NO: 28

Secuencia de aminoácidos de AGT1 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 4

20

MKNILSLVGRKENTPEDVTANLADTSSTTVMQAKDLVIEDFEERKKNDAFELNHLELTTNATQL
SDSDEDKENVIRVAEATDDANEANNEEKSMTLRQALRKYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLS
ALYALPVFQRKFGTMNAEGSYEITSQWQIGLNMVCVLCGEMIGLQITTYMVEFMGNRYTMITALS
LLTAYIFILYYCKSLAMIAGVQILSAMPWGCFQSLAVTYASEVCPLALRYYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLPPALQWIWPAPLIIGIFFAPESPWWLVRKNKIVEAKKSLNR
ILSGTVTEKEIQVDITLKQIEMTIEKERLRASKSGSFFSCFKGVDGRRTLACLTWVAQNSSGA
VLLGYSTYFFERAGMATDKAFTFSLIQYCLGLAGTLGSWVISGRVGRWTILTYGLSFQMVCLFI
IGGMGFASGSSASNAAGGLLLALSFFYNAGIGAVVYCIVAEIPSAELRKTIVLARICYNLMAV
FNAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGGFTALTAWVIIDLPETTGRTFSEINELEFSQGVPARKE
ASTVVDPFGKRGLQNRPQVDNIIIDRFSSASQQAL.

SEQ ID NO: 29

Secuencia de aminoácidos de AGT1 truncada codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 7

5

MKNIIISLVSKKKAASKNEDKNISESSRDIVNQEVFNTENFEEGKKDSAFELDHLEFTTNSAQL
GDSDEDNENMINEMNATDEANEANSEEKSMTLKQALLKYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLN
ALYALPVFQRKFGTLNGEGSYEITSQWQIGLNMVCVQCGEMIGLQITTYMVEFMGNRYTMITALG
LLTAYIFILYYCKSLAMIAGVQVLSAMPWGCFQGLTVTYASEVCPLALRYYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLPPALQWIWPAPLMIGIFFAPESPWWLVRKDRVAEARKSLSR
ILSGKGAEKDIQVDITLKQIELTIEKERLLASKSGSFFDCFKGVNGRRRTLACLAQNTSGA
CLLGYSTYFF.

SEQ ID NO: 30

Secuencia de aminoácidos de AGT1 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 7

10

MKNIIISLVSKKKAASKNEDKNISESSRDIVNQEVFNTENFEEGRKDSAFELDHLEFTTNSAQL
GDSDEDNENVINETNTTDDANEANSEEKSMTLKQALLIYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLN
ALYALPVFQRKFGTLNGEGSYEITSQWQIGLNMVCVQCGEIIIGLQITPYMVEFMGNRYTMITALG
LLTAYVFIILYYCKSLAMIAGVQVLSAMPWGCFQGLTVTYASEVCPLALRYYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLPPALQWIWPAPLMIGIFFAPESPWWLVRKDRVAEARKSLSR
ILSGKGAEKDIQIDITLKQIELTIEKERLLASKSGSFFDCFKGVNGRRRTLACLTWVAQNTSGA
CLLGYSTYFFERAGMATDKAFTFSVIQYCLGLAGTLCSWVISGRVGRWTILTYGLAFQMVCLFI
IGGMGFGSGSGASNGAGGLLLALSFFYNAGIGAVVYCIVTEIPSAELRKTIVLARICYNIMAV
INAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGGFTAVTLAWVIIDLPEPSTGRTFSEINELEFNQGVPARKE
ASTVVDPFGKGKTQHDSLDDESISQSSSIKQRELNAADKC.

SEQ ID NO: 31

Secuencia de aminoácidos de AGT1 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 7

15

MKNILSLVGRKENTPEDVTANLADTSSTTVMQAKDLVIEDFEERKKNDAFELNHLELTTNATQL
SDSDEDKENVIRVAEATDDANEANNEEKSMTLRQALRKYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLS
ALYALPVFQRKFGTMNAEGSYEITSQWQIGLNMVCVLCGEMIGLQITTYMVEFMGNRYTMITALS
LLTAYIFILYYCKSLAMIAGVQILSAMPWGCFQSLAVTYASEVCPLALRYYMTSYSNICWLFQ
IFASGIMKNSQENLGNSDLGYKLPPALQWIWPAPLIIGIFFAPESPWWLVRKNKIVEAKKSLNR
ILSGTVTEKEIQVDITLKQIEMTIEKERLRASKSGSFFSCFKGVDGRRTLACLTWVAQNSSGA
VLLGYSTYFFERAGMATDKAFTFSLIQYCLGLAGTLGSWVISGRVGRWTILTYGLSFQMVCLFI
IGGMGFASGSSASNAAGGLLLALSFFYNAGIGAVVYCIVAEIPSAELRKTIVLARICYNLMAV
FNAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGGFTALTAWVIIDLPETTGRTFSEINELEFSQGVPARKE
ASTVVDPFGKRGLQNRPQVDNIIIDRFSSASQQAL.

SEQ ID NO: 32

Secuencia de aminoácidos de AGT1 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 7

20

MKNILSLVGRKENTPEDVTANLADTSSTTVMQAKDLVIEDFEERKKNDAFELNHLELTNNATQL
SDSDEDKENVIRVAEATDDANEANNEEKSMTLRQALRKYPKAALWSILVSTTLVMEGYDTALLS
ALYALPVFQRKFGTMNAEGSYEITSQWQIGLNMVLCGEMIGLQITTYMVEFMGNRYTMITALS
LLTAYIFILYYCKSLAMIAVGQILSAMPWGCFQSLAVTYASEVCPLALRYMTSYSNICWLFQG
IFASGIMKNSQENLGNLSDLGKLPFALQWIWPAPLIIGIFFAPESPWWLVRKNKIVEAKKSLNR
ILSGTVTEKEIQVDITLKQIEMTIEKERLRASKSGSFFSCFKGVDGRRTLACTWVAQNSSGA
VLLGYSTYFFERAGMATDKAFTFSLIQYCLGLAGTLGWSVISGRVGRWTILTYGLSFQMVCLFI
IGGMGFASGSSASNAAGGLLLALSFFYNAGIGAVVYCIVAEIPSAELRTKTIVLARICYNLMAV
FNAILTPYMLNVSDWNWGAKTGLYWGFTALTAWVIIDLPETTGRTFGEINELEFSQGVPARKE
ASTVVDPFGRGLQNRQPVDNIIDRFSSASQAL.

SEQ ID NO: 33

Secuencia de aminoácidos de SHORT_IMA1_from Hybrid yeast_7_

5

MGYDIANYEKVWPTYGTNEDCFALIEKTHKLGKMFITDLVINHCSSHEHWFKESRSSKTNPKRD
WFFWRPPKGYDAEGKPIPPNNWKSIFYGGSATFDEKTQEFYLRFLCSTQPDNLWENEDCRKAIY
ESAVGYWLDHGVGDGFRIDVGSLSYKVVGLPDAPVVDKNSTWQSSDPYTLNGPRIHEFHQEMNQF
IRNRVKDGREIMTVGEMQHASDETKRLYSASRHELSSELFNSHTDVGTSPLFRYNLVPFELKD
WKIALAELFRFINGTDCWSTIYLENHDQPRSITRFGDSDPKNRVISGKLLSVLLSALTGTLYVY
QGQELGQINFKNWSVEKYEDVEIRNNYRLIKEECGENSEEMKKFLEGIALVSRDHARTPMPWTP
NEPNAGFSGPNTKPFYLNESFRQGINVEEEQKNSDSVLAFWKKALEFRKNHKDIAVYGDFDKF
IDLNDKKLFSFTKRYNNKTLFAALNFSSDATDFKIPNDGSSFKLEFGNYPKNEVDASSRTLKPW
EGRIHINE.

SEQ ID NO: 34

Secuencia de aminoácidos de IMA5_from Hybrid yeast_1

10

MTIIHNPKWWKEATVYQIYPASNKDSNNDGWGDLGITSKLDYVKELGVDAIWVCLFYDSPQED
MGYDIANYEKVWPRYGTNEDCFQMIIEEAHKGRIKIVIVDLVINHCSEEHWFKESKSSKTNPKRD
WFFWRPPKGFDEKGNPIPPNNWRSFFGGSARYDEKTGEFFLHVFAFGQPDFNWENEECRKAIY
DSSVGYWLRHNVDGFRIDVGSMSYKVEGLPDAPITDPTVPYQKGTEFFINGPRIHEYHKEMRKY
MLSQIPEGKEIMTVGEVGVGNEEDFRDYTSAKEGELNMMFNFKHTSVGESPECKYELIPFTLKD
FKLALAESFLFIENTDCWSTIYLENHDQPRSVSFRGSDSPKWRAISSKMLATLIISLTGTVFIY
QGQELGMSNFKNRRIEQIKVEGTGTYYAAIKRDYGEDSEKMKKFFEALALISRDHGRTPFPWSA
DEPSAGFSKDAKPWIDMNESFRDGINAEAEKDKNSVFFFWKKALQVRKEHKDILVYGHNFQFI
DLNDKLFMFTKDTDNKKMFAVFNFSSDNTDFSVPDNEASYTMFFGNANSNGDSRTLQPWEGR
LYLLK

SEQ ID NO: 35

Secuencia de aminoácidos del alelo Sc_IMA5_Hybrid_7 híbrido

15

MTIIHNPKWWKEATVYQIYPASNKDSNNDGWGDLGITSKLDYVKELGVDAIWVCLFYDSPQED
MGYDIANYEKVWPRYGTNEDCFQMIIEEAHKGRIKIVIVDLVINHCSEEHWFKESKSSKTNPKRD
WFFWRPPKGFDEKGNPIPPNNWRSFFGGSARYDEKTGEFFLHVFAFGQPDFNWENEECRKAIY
DSSVGYWLRHNVDGFRIDVGSMSYKVEGLPDAPITDPTVPYQKGTEFFINGPRIHEYHKEMRKY
MLSQIPEGKEIMTVGEVGVGNEEDFRDYTSAKEGELNMMFNFKHTSVGESPECKYELIPFTLKD
FKLALAESFLFIENTDCWSTIYLENHDQPRSVSFRGSDSPKWRAISSKMLATLIISLTGTVFIY
QGQELGMSNFKNRRIEQIKVEGTGTYYAAIKRDYGEDSEKMKKFFEALALISRDHGRTPFPWSA
DEPSAGFSKDAKPWIDMNESFRDGINAEAEKDKNSVFFFWKKALQVRKEHKDILVYGHNFQFI

DLNDKLFMFTKDTDNKKMFAVFNFSSDNTDFSVPDNEASYTMFFGNANSNGDSRTLQPWEGR
LYLLK.

20 SEQ ID NO:36

Secuencia de aminoácidos del alelo nonSc_IMA5_Hybrid_7; faltan los primeros 6 aminoácidos de la secuencia genómica

5 PKWWKEATIIYQIYPASFKDSNNDGWGDLGITSKLDYIKELGVDAIWVCPFYDSPQEDMGYDIA
 NYEKVWPRYGTSEDCFQMI EESHKRGIKVIVDLVINHCSEEHWFKESRSSKTNAKRDWFFWKP
 PKGYEIDGTPIPPNNWRSFFGGS AWKYDENTEEFFLHV FAPGQPDFN WENKECRQAIYDSSVGF
 WLRHNVDGFRIDVGS MYSKVEGLPDASITDPTVPYQDGTDFVNGPRIHEYHKEMRQYMYTQIP
 EGKEIMTVGEV GIGNEKDFKDYTSSKEEEFNMMFNFKHTSVGESPEFKYELIPFTLKDFKLALA
 ESFLFIEGTD CWSTIYLENHDQPRSVSRFGSDSPEWREISSKMLATLIISLTGTVFIYQGQELG
 MPNFKNRKIEQIKCVEGTGTYGAIKRDYGEDSEKMKKFYEALALISR DHGRTPF PWSGEKPYAG
 FSKNAKPWIDINESFVEGINAEELNDENS VFFFWKRALQVRKEHKNMLVYGDNFQFYDL DNEK
 LFMFTKDSGDKMFAVFNFCS DSTEFVDPNKASYDMFFGNYANS DGKSYTLKPWEGRLYYSN.

SEQ ID NO: 37

Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 7 (secuencia incompleta)

10 NSTERYNLSPSPED EDEFEAPTEEEMQTLRHVGGKIPMRCWLI AIVELSERFSYYGLSAPFQNYM
 EYGPNDSPKGVLSLNSQGATGLSYFFQFWCYVTPVFGGYVADTFWGKYNTICCGTAIYIAGIFI
 LFITSIPSVGNRDSAIGGFIAAI ILIGIATGMIKANLSVLIADQLPKRKPSIKVLKSGERVIVD
 SNITLQNVFMFFYFMINVGSLSLMATTELEYHKGFWAAYLLPFCFFWIAVVT LIFGKKQYIQRP
 IGDKVIAKSFKVCWILT KKNKDFNAAKPSVHPEKNYPWNDKFVDEIKRALAACKVFIFYP IYWT
 QYGTMISSFITQASMMELHGIPNDFLQAFDSIALIIFIP IFEKFVYPFIRRYTLPKPI TKIFFG
 FMFGSFAMTWA AVLQSFVYKAGPWYNEPLGHNTPNHVHVCWQIPAYVLISFSEIFASITGLEYA
 YSKAPASMKSFIMSIFLLTNAFGSAIGCALSPVTVD PKFTWLFTGLAVACFISGCLFWLCFRKY
 NDTEEMNAMDYEE EDEFDLNPISAPKANDIEILEPMESLRSTTKY.

SEQ ID NO: 38

Secuencia proteica de PTR2 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 7

15 MLNHL SQGSDDIQDEKQGD FVIEEEKNQTVTLKDSYVSDDAANSTE HYNLSPSLEEDEF EAPT
 DEELRSLRHVGGKIPMRCWLI AIVELSERFSYYGLSAPFQNYMEYGP KDTPKGVL SLNSQGATG
 LSYFFQFWCYVTPVFGGYVADTFWGKYNTICCGTAIYIAGIFILLITSIPSVGNRDSALGGFIA
 SIILIGIATGMIKANLSVLIADQLPKRKPSIKVLKSGERVIVDSNITLQNVFMFFYFMINVGSL
 SLMATTELEYHKGFWAAYLLPFCFFWVAVVT LVFGKKQYIQRP IGDKVIAKSFRVCWILT KKNK
 DFNAAKPSVHPEKEYPWNDKFVDEIKRALAACKVFVFYPIYWTQYGTMISSFITQAGMMELHGI
 PNDFLQAFDSIALIIFIP IFEKFYYPFIRRYTPFKPI TKIFFGFMFGSLAMTWA AVLQSFVYKA
 GPWYSAPLGHNTPNHVHVCWQIPAYVLISFSEIFASITGLEYAYS KAPASMKSFIMSIFLLTNA
 FGSAIGCALSPVTVD PKFTWLFTGLAVACFISGCLFWFCFRKYNDTEEMNAMDYEE EDEFDLN
 PISQPKGNDIEILEPMGSLKSTTKY.

SEQ ID NO: 39

Secuencia de aminoácidos de DAL5 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 7

20 MSADASTNSNASLDEKNL NITSEAEIKNEDVTAEPVLSTV LSPNGKIVYISDKVDEAMKLAE EA
 KEIEVTP EEDRKL RWKIDYCMFPLMCILYAVQFMDKISTSSAAVMGLRTDLKM HGDQYSWVTSA
 FYFGYLFMN LGPVQFIFQRTSHMSKMLAVFIVIWGMLLALHAAPT VKYPSFIVLRVLLGCAESV
 VTPCF TIIITAQYWKTEE QFTRVSIWFGMNLG SILINAIAYGVYIHQDSYAIKGWRTLFVITGV
 ITIFIGILIFLWIPDDPSKARFLSKREKLMV VQRIRSNQQGFGNHEIKKYQII EALKDVRTWLY
 FLFTVSSNIPNGG ISSFMSILLNSDFGYSSKETLLMGLPTGAVELVGCPLFGILAVYAANKKIP
 FWKYKLSWAIFA AVLALIASCMLGFATNSKKARLAGAYLWYISPVSFICVLSNISANSSGYSKK
 WTVSSINLVAYAAANLAGPQT FIAKQAPKYHGAKVAMVVCYAVMI VLLSILLIVNLRENKR RDK
 IAAERGFP EETENLEFSDLTDFENPNFRYTL.

SEQ ID NO: 40

Secuencia de aminoácidos de DAL5 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 7

MSGGASTNSNASIDEKNLNTSEAEIKNEDVYAEPVLSTVLSPNGKVVIYISDKVDEAMKLAD
KEIEVTPEEDRKLRLWKIDYCMFPLMCILYAVQFMDKISTSSAAVMGLRTDLKMHGDQYSWV
TSAFYFGYLFMNLGPVQLIFQKSKHMSKMLAIFIIVWGLLLALHAVPSVKYSSFIALRVLLG
CAESVVTPCFTIITAQYWKTEEQFTRISIWFGMNLGSLILINAIAYGVYIHQESYAIKGW
RALFVITGVITIFVGALIFLWIPDDPSKARFLSKREKLMVVQRIRSNQQGFNGHEIKKYQ
IVEALKDVRTWLYFLFTVSSNIPNGGISSFMSILLNSDFGYLSKDTLLMGLPTGAVELVGC
PLFGILAVYAANKKIPFWKYKLAWAIFA AVLALIASCMLGFATSSKKARLAGAYLWYISP
VSFICVLSNISANSSGYSKKWTVSSINLAAYAAANLAGPQTFIAKQAPKYHGAKVAMVVCY
AVMIVLLSALLLINMRENKRRDKIAAERGYPEETANLEFSDLTDFENPNFRYTL.

5

SEQ ID NO: 41

Secuencia de aminoácidos de UBR1 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 7 (secuencia incompleta)

MSVADDDLGLSQGHIRRTLRSIHNLPHYFRYTRGPTERADMSRALKEFIYRYLYFVISN
SGENLPTLFNAHPKQKLSNPELTVFPDSLEDAVDIDKITSQQTIPFYKIDESRIGDVH
KHTGRNCGRKFKIGEPLYRCHECGCDDTCVLCIHCFNPKDHVNHVCTDICTEFTSGICD
CGDEEAWNSPLHCKAE EQENDISED PATNADIKEEDVWNDSVNIALVELVLAEVFDYF
IDVFNQNIIEPLPTIQKDITIKLREMTQQGKMYERAQFLNDLKYENDYMF DGTTTAKTSP
SNSPEASPSLAKIDPENYTVIIYNDEYHNYSQATTALRQGVDPNVHIDLLTSRIDGEG
RAMLKCSQDSSSVLGGFFAVQTNGLSATLTSWSEY LHQETCKYIILWITHCLNIPNSS
FQTTFRNMMGKTL CSEYLNATECRDMTPVVEKYFSNKFDKNDPYRYIDLSILADGNQ
IPLGHHKILPESSTHSL SPLINDVETPTSRTYSNTRLQHILYFDNR YWKRLRKDIQNV
IIPTLASSNLYKPIFCQQVVEIFNHITRSVAYMDREPQLTAIRECVVQLFTCPTNAKN
IFENQSF LDIVWSIIDIFKEFCCKVEGGVLIWQRVQKSNLTKSYISFKQGLYTVETLL
SKVHDPNIPLRPKEIISLLTLCKLFGAWKIKRKEGEHVLHEDQNFISYLEYTTSIYSI
IQTAEKVSEKSKDSIDSKLFLNAIRIISFSLGNRSLTYKLIYDSHEVIKFSVSHERVA
FMNPLQTMLSLFLIEKVSLKDAYEALDCSDFLKISDFSLSRVVLC SQIDVGFWVRNGM
SVLHQASYKNNP

10

SEQ ID NO: 42

Secuencia de aminoácidos de UBR1 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 7

MSFTDNGLGSLKAHIRRTLRSIHNLPHYFRFTRGPTERADMSRALKEFIYRYLYFIISND
GENLSTLFTAHPKQKSSNQELAVFPESLEDALVDKITSQGTFFPYKIDESKIGDVH
KHTGRNCGRKFKIGEPLYRCHECGCDDTCVLCIHCFNPKDHINHHVCTDICSEFTSGI
CDGDEEAWNSSLHCKAE EQGNDTSEDPSNFDSTKQKDVWNP ECIALVELVLSEVFDY
FIDVFNQNIIEPLPTIQKDITIKLREMTQQGKMYERAQFLNDLKYENDYMF DGTTTAK
TSPSNSPEASPSLAKIDPENYTVIIYNDEYHNYSQATTALRQGVDPNVHIDLLTSRIDG
EGRAMLKCSQDLSSSVLGGFFAVQTNGLSATLTSWSEY LHQEACKYIILWITHCLNIPN
PSFQITFRNMMGKSLCSEYLNATESRDMTPVVEKYFSTKFDKDDPYRYIDLSVLAEGN
QIPLGHHKVLPESSSTHSLSTLINDVENLTSKEYSNTRLQHILYFDNR YWKRLRKDIQNV
IIPTLASSTLYKPIFCQQVVEIFNHITRSVAYMDREPQLTAIRECVVQLFTCPTNTRN
IFENQSF LDILWSIIDIFKEFCCKVEAGVLIWQRVQKSNLTKSYLSFKQGLYTVETLL
SKVNDPNITIRPKVFISLLTLGKLFNGAWKIKRKEGEHVLHEDQNFISYLEYTTSIYSI
IQTAEKVLEKSHDSL DLNLVLNAIRIVSSFLGNRSLTYKLIYDSHEIIKFSVSHERVA
FMNPIQTMLSLFLIEKVSLKDAYESLENCPDFLKIADFSLSRVVLC SQIDVGFWVRNGM
SVLHQASYKNNPELGS

15

YSRDIHLNQLAI IWERDDLPRVIYNILDRWELLDFWMGEAEYQHTVYEDKISFMIQQFIAFIYQ
ILTERQYFKTFSLLRDRRMDMIKNSIMYNLYMKPLSYSKLLKSPDYLTDDTTEFDEALEEVS
FVEPKGLADNGVFKLKAALYAKIDPLKLLNLENEFESSATIIKTHLAKNKDEVSKVVLIPQVST
KLLDKGAMNLGEFTRNTVFAKVIYKLLQVCLDMEDSTFLNELLHLVHGIFKDDDELINGKDSIPE
AYLAKPICNLLLSIANAKSDIFSESIVRKADYLLEKMIMKKPDEIFESLIASFNGYIDNYKDK
KLSQGVNLQETEKERKRRMAKKHQARLLAKFNNQQSKFMKEHESEFDEQDNDVDMDGEKVYSE
DFTCALCQDSSSTDFVPIPAYHDHTPIFRPGNIFNPREFMAKWDGFYNDDDKQAYIDDEVLESL
KENGTRGSRKVVFVSCNHHIHNCFKRYVQKKRFSNAFICPLCQTFSNCTLPICPTSRANTGLS
LDMFLKSELSLDILSRLFKPFTEDNYRTINSIFSLMVSQCQGFQDKVVRKHVNFTHKDVSLVLSV
HWANTISMLEVASRLEKPHNISFFRSREQKYKTLKNILICIMLFTFVIGKPSMEFEPYPVESDI
ICNQNLQFYIVRKSLSFSPASLRETITEALTVFCKQFLDDFVQGLSDAEQVDKLYTEAKKLGDV
YNVDESILITLMSITVVKTEGLESRSIYDLAYTSLKSLPTIRCLVMVKVLHELKDVSENET
MVIDGFDVEEELEFEGLPGFVDKALKLITDKESFVDLFTKTKQAIVPSHPYLERIPYEYCGIVKL
IDLSKFLNTYVTQSKEIKLREERSQHMKANADNRDLFKICLTCGVKVHLRADRHMTKHLNKNCF
KSFGAFLMPNSSEVCLHLTQPPSNIFVSAPYLNHGEVGRNAMRRGDLTTNLNKR YEHLNRLWI
NNEIPGYISRVMGDEFRTILSNGFLFAFNREPRPRVPPTDEDEDDEMEEGEEGFFTEENDMD
VDDGTGAANLFGVGAEGIGDGGVRNFFQFFENFRNTLQPPQGNDDAPQNPPIQLQFLGPQFD
GATIIIRNTNQRLDEDDSSSENDDSDEREIW.

SEQ ID NO: 43

Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 1

5

MLNHPSQGSDDAQDEKQGDFFVIEEEKTQAVMLKDSYVSDDVANSTERYNLSPSPEDEDFEAPT
EEMQTLRHVGKIPMRCWLI AIVELSERFSYYGLSAPFQNYMEYGPNDSPKGVLSLNSQGATG
LSYFFQFWCYVTPVFGGYVADTFWGKYNTICCGTAIYIAGIFILFITSIPSVGNRDSAIGGFIA
AIIILIGIATGMIKANLSVLIADQLPKRKPSIKVLKSGERVIVDSNITLQNVFMFFYFMINVGS
SLMATTELEYHKGFWAAAYLLPFCFFWIAVVTLIFGKKQYIQRPIGDKVIAKSFKVCWILT
DFNAAKPSVHPEKNYPWNDKFVDEIKRALAACKVFIFYPIYWTQYGTMISSFITQASM
MELHGI PNDFLQAFDSIALIIFIFIPIFEKFVYPFIRRYTPLKPITKIFVGFMFSGFAMT
WAAVLQSFVYKAGPWYNEPLGHNTPNHVVHCWQIPAYVLISFSEIFASITGLEAYASKAP
ASMKSFIMSIFLLTNAFGSAIGCALSPVTVDPKFTWLFTGLAVACFISGCLFWLCFRKYND
TEEMNAMDYEEENEFDLNPISAPKANDIEILEPMDSLRSTTKY.

SEQ ID NO: 44

Secuencia de aminoácidos de PTR2 codificada por un alelo no Sc de levadura híbrida 1

10

MLNHL SQGSDDIQDEKQGDFFVIEEKNQTVTLKDSYVSDDAANSTEHYNLSPSLEEDEF
EAPT DEELRSLRHVGKIPMRCWLI AIVELSERFSYYGLSAPFQNYMEYGPKDTPKGVLS
LNSQGATG LSYFFQFWCYVTPVFGGYVADTFWGKYNTICCGTAIYIAGIFILLITSIPSV
GNRDSALGGFIA SIILIGIATGMIKANLSVLIADQLPKRKPSIKVLKSGERVIVDSNITL
QNVFMFFYFMINVGS LMATTELEYHKGFWAAAYLLPFCFFWVAVVTLVFGKKQYIQRPI
GDKVIAKSFRVCWILTDFNAAKPSVHPEKEYPWNDKFVDEIKRALAACKVVFYPIYWTQY
GTMISSFITQAGMMELHGI PNDFLQAFDSIALIIFIFIPIFEKFYYPFIRRYTPFKPIT
KIFFGFMFGSLAMTWAAVLQSFVYKAGPWYSAPLGHNTPNHVVHCWQIPAYVLISFSEI
FASITGLEAYASKAPASMKSFIMSIFLLTNAFGSAIGCALSPVTVDPKFTWLFTGLAVAC
FISGCLFWFCFRKYNDTEEMNAMDYEEENEFDLNPISQPKGNDIEILEPMGSLKSTTKY.

SEQ ID NO: 45

Secuencia parcial de aminoácidos de UBR1 codificada por un alelo Sc de levadura híbrida 1

15

MSVADDDLGLSLQGHIRRTLRSIHNLPYFRYTRGPTERADMSRALKEFIYRYLYFVISNS
GENLPTLFNAHPKQKLSNPCLTVFPDSLEDAVDIDKITSQQTIPFYKIDESRIGDVHKHTGR
NCGRKFK

IGEPLYRCHECGDDTCVLCIHCNPKDHNHHVCTDICTEFTSGICDCGDEEAWNSPLHCKAE
EQENDISEDPA TNADIKEEDVWNDSVNIALVELVLAEVFDYFIDVFNQNIPLPTIQKDITIKL
REMTQOGKMYERAQFLNDLKYENDYMFDTTAKTSPSNSPEASPSLAKIDPENYTVIIYNDEY
HNYSQATTALRQGVDPNVHIDLLTSRIDGEGRAMLKCSQDL.

Ejemplos

- 5 La invención se ilustra adicionalmente mediante los ejemplos siguientes que, sin embargo, no se deben interpretar como limitantes de la invención.

En los ejemplos se usan las cepas de levadura siguientes:

Nombre de la cepa de levadura	Especie/Descripción
Levadura Lager 1	<i>S. pastorianus</i>
Levadura Lager 2	<i>S. pastorianus</i>
Levadura Ale 1	<i>S. cerevisiae</i>
<i>S. diastaticus</i> 1	<i>S. diastaticus</i>
Levadura híbrida 1	Híbrido entre levadura Ale 1 y levadura Lager 1
Levadura híbrida 2	Híbrido entre levadura Lager 2 y levadura Ale 1
Levadura híbrida 3	Híbrido entre levadura Lager 2 y levadura Ale 1
Levadura híbrida 4	Híbrido entre levadura Lager 2 y levadura Ale 1
Levadura híbrida 5	Híbrido entre levadura Lager 2 y levadura Ale 1
Levadura híbrida 6	Híbrido entre levadura Lager 2 y levadura Ale 1
Levadura híbrida 7	Híbrido entre levadura Lager 2 y levadura Ale 1
Levadura híbrida 8	Híbrido entre <i>S. diastaticus</i> 1 y levadura Ale 1

10

La secuencia genómica de la levadura híbrida 1 se proporciona como SEQ ID NO: 1 en la solicitud de patente danesa prioritaria PA 2014 70825. La SEQ ID NO: 1 de PA 2014 70825 muestra la secuencia de armazones ensamblados a partir de la secuencia genómica del híbrido 1. Las secuencias se proporcionan en formato FASTA. El término "armazón", como se emplea a este respecto, se refiere a una porción de la secuencia del genoma reconstruida a partir

- 15 de clones solapados. El término "clon solapado" se refiere a una secuencia de solapamiento contigua que procede del reensamblaje de fragmentos de ADN cortos.

La SEQ ID NO: 1 de PA 2014 70825 proporciona la secuencia de un total de 1629 armazones, numerados del número 0 al 1628. En la SEQ ID NO: 1 de PA 2014 70825, las secuencias de cada armazón se proporcionan separadas por

- 20 el término ">Scaffold_X", donde X indica el número del armazón que tiene la secuencia siguiente.

Por tanto, el genoma de la levadura híbrida 1 comprende preferiblemente todos los armazones 0 a 1628 distribuidos a lo largo de una pluralidad de cromosomas.

- 25 La secuencia genómica de la levadura híbrida 1 también está disponible en DDBJ/EMBL/GenBank con el número de entrada LOQJ000000000. Por tanto, el proyecto de secuenciación del genoma completo correspondiente a la levadura híbrida 1 se ha depositado en DDBJ/EMBL/GenBank con la entrada LOQJ000000000. La versión descrita en esta patente es la versión LOQJ010000000.

- 30 Los datos de presentación fueron los siguientes:

SUBID	Bioproyecto	Biomuestra	Entrada
SUB1207553	PRJNA304272	SAMN04297180	LOQJ000000000

El proyecto de secuenciación del genoma completo muestra la secuencia de los armazones ensamblados a partir de la secuencia genómica de la levadura híbrida 1. El término "armazón", como se emplea a este respecto, se refiere a una parte de la secuencia del genoma reconstruida a partir de clones solapados. El término "clon solapado" se refiere

- 35 a una secuencia de solapamiento contigua que procede del reensamblaje de fragmentos de ADN cortos. La entrada

en DDBJ/EMBL/GenBank LOQJ00000000, versión LOQJ01000000, proporciona la secuencia de un total de 8919 armazones. Por tanto, el genoma de la levadura híbrida 1 comprende preferiblemente todos los armazones 0 a 8919 distribuidos a lo largo de una pluralidad de cromosomas. Por consiguiente, una célula de levadura según la invención también puede comprender todos los armazones 0 a 8919 distribuidos a lo largo de una pluralidad de cromosomas.

5

La secuencia genómica de la levadura híbrida 7 está disponible en DDBJ/EMBL/GenBank con el número de entrada LOQK00000000.

Por tanto, el proyecto de secuenciación del genoma completo correspondiente a la levadura híbrida 7 se ha depositado en DDBJ/EMBL/GenBank con la entrada LOQK00000000. La versión descrita en esta patente es la versión LOQK01000000.

10

Los datos de presentación fueron los siguientes:

SUBID	Bioproyecto	Biomuestra	Entrada
SUB1208131	PRJNA304273	SAMN04297181	LOQK00000000

15

El proyecto de secuenciación del genoma completo muestra la secuencia de los armazones ensamblados a partir de la secuencia genómica de la levadura híbrida 7. El término "armazón", como se emplea a este respecto, se refiere a una porción de la secuencia del genoma reconstruida a partir de clones solapados. El término "clon solapado" se refiere a una secuencia de solapamiento contigua que procede del reensamblaje de fragmentos de ADN cortos. La entrada en DDBJ/EMBL/GenBank LOQK00000000, versión LOQK01000000, proporciona la secuencia de un total de 9492 armazones. Por tanto, el genoma de la levadura híbrida 7 comprende preferiblemente todos los armazones 0 a 9492 distribuidos a lo largo de una pluralidad de cromosomas. Por consiguiente, una célula de levadura según la invención también puede comprender todos los armazones 0 a 9492 distribuidos a lo largo de una pluralidad de cromosomas.

20

25

Ejemplo 1

Se prepararon 10 hl de cerveza inoculando 10 millones de células viables/ml de levadura a un mosto a base de malta comercial (16 °Plato) suministrado por Soufflet, seguido de fermentación a 17 °C hasta que el diacetilo se encontraba por debajo de un umbral predefinido, que se estableció a un nivel por debajo del umbral considerado como sabor desagradable en la cerveza Lager. En el presente ejemplo, el umbral de diacetilo se estableció en 30 ppb.

30

En las cervezas Lager, las dicetonas vecinales, tales como diacetilo y 2,3-pentanodiona, confieren un sabor desagradable no deseado si están presentes por encima de una concentración umbral. Tanto el diacetilo como la 2,3-pentanodiona tienen un aroma acaramelado, pero el umbral para el diacetilo es 10 veces inferior. Parte del control de la fermentación es garantizar que la cerveza acabada contenga las dicetonas vecinales, especialmente el diacetilo, por debajo de sus umbrales.

35

Las células de levadura se propagaron en un tanque (escala de 9 hL) que se usó para conseguir el inóculo celular de la generación 1 de la cerveza que a continuación fue seguida por la generación 2 de la cerveza (escala de 10 hL cada una). El propósito de la propagación es producir un cultivo puro de levadura sano en cantidades suficientes para inocular la levadura para la fermentación real de la cerveza. La fermentación de la cerveza se realiza en fermentaciones sucesivas y la levadura se sustituye habitualmente después de 5 a 10 fermentaciones sucesivas; sin embargo, la frecuencia de introducción de levadura recién propagada en la fábrica de cerveza es una decisión individual. Las fermentaciones sucesivas actúan como inóculo celular para la siguiente fermentación de cerveza y, a menudo, solo el tanque de propagación proporciona el inóculo celular de levadura para la primera fermentación de la cerveza, denominada generación 1 de la cerveza. La fermentación de la cerveza realizada después de la generación 1 se denomina generación 2 y así sucesivamente. La mayoría de las fermentaciones de cerveza se realizan con levadura extraída de la fermentación anterior de cerveza y no del tanque de propagación. El inóculo celular para la fermentación de cerveza es habitualmente 10^7 células de levadura/ml.

40

45

50

Se usaron 3 cepas de levadura diferentes en este ejemplo. Se empleó el mismo mosto y las mismas condiciones de fermentación.

Levadura Ale 1

55

Levadura Lager 1
Levadura híbrida 1

La levadura Ale 1 es una levadura de la especie *S. cerevisiae*. La levadura Lager 1 es una levadura de la especie *S. pastorianus*. La levadura Ale 1 y la levadura Lager 1 se hibridaron y se seleccionó una de las cepas híbridas

denominada levadura híbrida 1.

La Tabla 1 muestra los valores finales de Plato, la Tabla 2 muestra el % de etanol (% v/v) y la Tabla 3 muestra el GFR final de la cerveza, los días necesarios para que el diacetilo se encuentre por debajo del umbral predefinido y los días necesarios para la fermentación primaria de cerveza de la generación 1 y 2 para producir cerveza preparada usando las 3 cepas de levadura al final del tanque de propagación (9 hL) y/o en las generaciones 1 y 2 de cerveza.

La cepa híbrida 1 tiene la capacidad de crecer a 37 °C (datos no mostrados) y también fermenta bien a temperaturas inferiores, tales como 16 °C (véanse las Tablas 1 a 3).

10

Tabla 1 Valores de Plato

°PLATO finales	Levadura Lager 1	Levadura híbrida 1	Levadura Ale 1
Al final de la propagación (9 hL), 16 °C	2,54	1,97	2,03
Final de la Generación 1, 16 °C	2,55	2,35	2,48
Final de la Generación 2, 18 °C	2,86	2,37	3,36
PROMEDIO de la generación 1+2	2,7	2,36	2,92

Tabla 2 % de etanol (% v/v)

% de ETANOL (% v/v)	Levadura Lager 1	Levadura híbrida 1	Levadura Ale 1
Generación 1, 16 °C	7,51	7,64	7,58
Generación 2, 18 °C	7,33	7,61	7,19
PROMEDIO de la generación 1+2	7,42	7,625	7,38

15

Tabla 3

Escala de 10 hl - Promedio de las generaciones 1 y 2 (cerveza 02 y 03)			
nombre (levadura)	Levadura Lager 1	Levadura híbrida 1	Levadura Ale 1
Plato del mosto	15,85	15,85	15,85
Temp. de ferm.	16 °C y 18 °C	16 °C y 18 °C	16 °C y 18 °C
Tasa de inoculación	10	10	10
GFR de la cerveza (%)	69,3	71,0	68,9
Días para DA en espec.	6,5	9	13
Días para ferm. primaria	5,5	6	9,5

20

La tasa de inoculación es la cantidad de levadura viable/mL añadida como inóculo celular para comenzar la fermentación. La levadura híbrida 1 había mejorado el GFR en 2 % en comparación con las dos cepas precursoras (levadura Lager 1 y levadura Ale 1) (véase la Tabla 3). La levadura híbrida 1 también presentó niveles inferiores de Plato finales.

La levadura híbrida 1 presenta un rendimiento de etanol mejorado en 0,2 % de etanol o más en comparación con las dos cepas precursoras. La levadura híbrida 1 presenta un rendimiento de fermentación mejorado tanto a 16 °C como a 18 °C de temperatura. El híbrido 1 había mejorado en términos de necesitar un tiempo más corto para alcanzar niveles de diacetilo por debajo del umbral (Días para DA en espec.) en comparación con la levadura Ale 1.

La levadura híbrida 1 fermenta prácticamente a la misma velocidad que la levadura Lager 1 (véase Días para ferm. primaria en la Tabla 3) pero necesitó un tiempo algo más largo para conseguir que el diacetilo se encontrara por debajo del umbral (véase Días para DA en espec.).

30

Ejemplo 2

Las células de levadura de las soluciones madre congeladas se sembraron en estría en placas de YPD. Estas se usaron para inocular 20 ml de mosto de malta convencional pasteurizado en botellas de 50 ml y se hicieron crecer a 22 °C de temperatura. Los cultivos celulares del cultivo de 20 ml se usaron para volver a inocular las células en un volumen de mosto de 200 ml en botellas de 500 ml y se hicieron crecer a 22 °C. Del volumen de 200 ml de mosto, se

35

inoculó un tanque de propagación de 1,8 L con el objetivo de inocular 14-15 millones de células viables/ml y hacerlas crecer a una temperatura de 16 o 18 °C (la misma que la temperatura de fermentación). La malta usada para preparar el mosto se compró a DMG en Dinamarca.

- 5 El número de células totales y viables se midió con NucleoCounter. También se midió el número de células viables del tanque de propagación. Se utilizaron 14-15 millones de células viables para inocular 2 L de mosto con un contenido de azúcares de 15 °Plato, que se dejaron fermentar durante 6 días a indistintamente 16 °C (levaduras híbridas 2, 3 y 4 y sus controles correspondientes) o 18 °C (levadura híbrida 1 y sus controles correspondientes) para obtener la denominada generación 1 de cerveza. Al final de la generación 1, se usaron 14-15 millones de células viables para
- 10 inocular la generación 2 de cerveza. En el día 4 de incubación se determinó el número de células en suspensión. Los números de células resultantes de la cerveza de la generación 2 se presentan en la Tabla 4. El número de células en suspensión no refleja el crecimiento total de las células, sino más bien la floculación y/o sedimentación. Generalmente se prefiere que el número mínimo de células en suspensión sea lo más bajo posible en las etapas posteriores de la fermentación, lo que indica un aumento de la floculación y/o sedimentación. Si la floculación aumenta demasiado
- 15 pronto en el tiempo del procedimiento, esto puede conducir a floculación prematura, que da como resultado una fermentación lenta al final del procedimiento.

Tabla 4a Generación 2 de cerveza fabricada a escala de 2 L Los resultados mostrados son de duplicados biológicos del mismo experimento.

Fermentaciones a 18 °C	tasa de inoculación	células en suspensión (día 4)
Levadura	mill/ml	mill/ml
Levadura Lager 1	15	17
Levadura Lager 1	15	19
Levadura Ale 1	15	12
Levadura Ale 1	15	22,6
Levadura híbrida 1	15	3,58
Levadura híbrida 1	15	3,75

20

La levadura híbrida 1 produjo más biomasa (medida en gramos de levadura recogida) que la levadura Lager 1, pero el híbrido 1 siguió presentando menos células en suspensión.

Tabla 4b

Fermentaciones a 16 °C	tasa de inoculación	células en susp. (día 6)
Levadura	mill/ml	mill/ml
Levadura Lager 1	14	20
Levadura Lager 1	14	23
Levadura Ale 1	14	14
Levadura Ale 1	14	13
Levadura híbrida 2	14	2,3
Levadura híbrida 2	14	3,2
Levadura híbrida 3	14	4,4
Levadura híbrida 3	14	3,3
Levadura híbrida 4	14	5,8
Levadura híbrida 4	14	5
Levadura Lager 2	14	12
Levadura Lager 2	14	23

25

Como se comentó anteriormente, las levaduras híbridas 2, 3 y 4 tienen menos células en suspensión que las levaduras Lager, aunque produjeron algo más de biomasa (en gramos de células recogidas al final de la fermentación).

En un estudio diferente, se encontró que la levadura híbrida 2 tenía 7 mill/ml de células en suspensión después de 6

días de fermentación, mientras que la levadura Ale 1 tenía solo 4 mill/ml de células en suspensión y la levadura Lager 2 tenía 39 mill/ml de células en suspensión después de 6 días de fermentación. Por tanto, también en este estudio, la levadura híbrida tenía un nivel muy inferior de células en suspensión en comparación con la levadura Lager.

- 5 Los híbridos fabricados a partir de levadura Ale 1 y levadura Lager 1 (levadura híbrida 1) o levadura Lager 2 (levaduras híbridas 2, 3, 4 y 7) tenían menos células en suspensión que las dos cepas precursoras: levadura Ale 1 y cualquiera de las cepas de Lager (levadura Lager 1 o 2). Por tanto, los híbridos presentaban una sedimentación celular mejorada. Eso es interesante en la fabricación de cerveza para evitar el procesamiento aguas abajo de la pasta de células de levadura que se debe recoger y usar para la reinoculación de células de las próximas generaciones del procesamiento
- 10 de cerveza.

Los resultados de otro estudio más se presentan en la Tabla 4c. Los parámetros experimentales fueron como se describió anteriormente en esta invención, con la excepción de que se ensayaron las células de levadura indicadas.

15 **Tabla 4c**

18 °C	Tasa de inoculación	Células de levadura en suspensión (Día 7)
Levadura de la Generación 2	mill/ml	mill/ml
Levadura Lager 2	15,0	26
Levadura Lager 2	15,0	28
Levadura híbrida 7	15,0	4
Levadura híbrida 7	15,0	8,3
Levadura híbrida 8	15,0	7,2
Levadura híbrida 8	15,0	7,5
<i>S. diastaticus</i>	15,0	40
<i>S. diastaticus</i>	15,0	39

Ejemplo 3

- Se prepararon 50 L de cerveza inoculando mosto a base de malta convencional (18 °Plato) con 10 millones de células viables/ml de levadura, seguido de fermentación a 18 °C. La malta usada para preparar el mosto se compró a DMG en Dinamarca.
- 20

Se usaron 2 cepas de levadura diferentes. Se empleó el mismo mosto y las mismas condiciones de fermentación.

Levadura Lager 1

- 25 Levadura híbrida 1

La Tabla 5a muestra los valores finales del EA de la cerveza para las 2 cepas comparadas en el tanque a escala de 50 L de cerveza fabricada con las generaciones 1 y 2.

- 30 EA, como se emplea en esta invención, es el “extracto aparente”, que es una medida de la densidad del mosto de cerveza en términos del porcentaje de extracto en peso y se expresa en la escala Plato.

Tabla 5a

Lager 1 frente a Híbrido 1 - ensayo en 50 L		
Cerveza de la Generación 1		
Nombre de la cepa	Levadura Lager 1	Híbrido 1
Generación	1	1
Plato del mosto (valor inicial)	17,76	17,76
Temperatura de fermentación	18	18
Tasa de inoculación	10	10
EA de la cerveza	3,21	2,71

Cerveza de la Generación 2		
Nombre de la cepa	Levadura Lager 1	Híbrido 1
Generación	2	2
Plato del mosto (valor inicial)	17,91	17,91
Temperatura de fermentación	18	18
Tasa de inoculación	10	10
EA de la cerveza	3,46	2,86

La levadura híbrida 1 había mejorado el EA de 0,5 % en 0,5 % en comparación con la levadura Lager 1.

- Se realizó un ensayo similar con levadura Lager 2, levadura híbrida 4, levadura híbrida 7, levadura híbrida 8 y *S. diastaticus*. El EA y el GFR en el día 7 después de la inoculación se presentan en la Tabla 5b. Los parámetros experimentales fueron como se describió en el Experimento 2 anterior de esta invención, con las células de levadura indicadas ensayadas.

Tabla 5b

18 °C Levadura de la Generación 2	Tasa de inoculación, mill/ml	EA tras 7 días, % de Plato	GFR, Día 7
Levadura Lager 2	15,0	3,01	64,4
Levadura Lager 2	15,0	2,93	66,3
Levadura híbrida 4	15,0	2,49	69,0
Levadura híbrida 4	15,0	2,53	68,8
Levadura híbrida 7	15,0	2,35	69,0
Levadura híbrida 7	15,0	2,39	69,6
Levadura híbrida 8	12,4	1,1	75,9
Levadura híbrida 8	12,4	1,12	75,1
<i>S. diastaticus</i>	14,7	1,67	73,1
<i>S. diastaticus</i>	15,0	1,66	73,0
	Levadura Lager 2	Levadura híbrida 4	Levadura híbrida 7
EA prom., 7 días	2,97	2,51	2,37
Aumento adicional del EA frente a la levadura Lager 2		0,46	0,6
EA GFR, 7 días	65,35	68,9	69,3
Aumento adicional del GFR frente a la levadura Lager 2		3,55	3,95
El GFR se proporciona en %.			

10

También se determinó la velocidad de fermentación para la levadura Lager 2, la levadura híbrida 4 y la 7. Los parámetros experimentales fueron como se describió en el Experimento 2 de esta invención, con la excepción de que el extracto aparente se determinó en varios momentos diferentes durante el curso de la fermentación y la incubación fue a 18 °C. La Figura 16 muestra el extracto aparente en °Plato a lo largo del tiempo después de inocular el mosto.

- 15 El mosto usado tenía un contenido de azúcares de partida de 15 °Plato. Como se muestra, el tiempo de fermentación primaria para las levaduras híbridas 4 y 7 es de aproximadamente 3 días, mientras que el tiempo de fermentación primaria para la levadura Lager 2 es de aproximadamente 4 días.

Ejemplo 4

20

El contenido de aminoácidos del mosto de partida y la cerveza producida como se describió en el Ejemplo 1 se determinó mediante HPLC con detector de fluorescencia.

La Tabla 6a presenta la concentración de aminoácidos en la cerveza final.

5

Tabla 6a

		Levadura Lager 1	Levadura Ale 1	Levadura híbrida 1	% de reducción de aminoácidos en la cerveza final de preparada con levadura híbrida 1 en comparación con la levadura Lager 1
Ácido aspártico (p/p)	mg/l	32	51	3	90 %
Ácido glutámico (p/p)	mg/l	44	47	14	68 %
Serina (p/p)	mg/l	11	23	8	27 %
Histidina (p/p)	mg/l	42	46	25	40 %
Glicina (p/p)	mg/l	49	57	35	28 %
Treonina (p/p)	mg/l	12	16	5	58 %
Arginina (p/p)	mg/l	152	136	86	43 %
Alanina (p/p)	mg/l	147	145	80	45 %
Tirosina (p/p)	mg/l	129	140	118	8 %
Metionina (p/p)	mg/l	26	28	10	61 %
Valina (p/p)	mg/l	136	159	121	11 %
Fenilalanina (p/p)	mg/l	134	166	117	12 %
Isoleucina (p/p)	mg/l	59	71	33	44 %
Leucina (p/p)	mg/l	113	173	78	31 %
Lisina (p/p)	mg/l	29	25	1	97 %

La levadura híbrida 1 tiene muchos menos aminoácidos restantes en la cerveza final, lo que es beneficioso en términos de envejecimiento de la cerveza y estabilidad de la cerveza. La cerveza fermentada con el híbrido 1 generará cantidades inferiores de aldehídos de Strecker, que se forman a partir de esos aminoácidos.

10

Los aldehídos de Strecker son componentes importantes del sabor "añejo" de la cerveza que proceden en parte de los aminoácidos de la propia cerveza embotellada. Los aminoácidos que han demostrado estar implicados en la formación de aldehídos de Strecker con un umbral sensorial bajo incluyen valina, isoleucina, leucina, metionina y fenilalanina (Tabla 2). La formación de aldehídos de Strecker juega un papel crucial, porque un aumento en su concentración otorga una percepción sensorial creciente de "sabores añejos". La cerveza fermentada con levadura híbrida 1 tendrá menos sabores añejos debido al consumo superior de aminoácidos.

15

Tabla 2. Aminoácidos que actúan como precursores en la formación de aldehídos de Strecker con sabor desagradable.

20

Aminoácido	Aldehído de Strecker
Metionina	Metional
Leucina	3-metilbutanal
Valina	2-metilpropanal
Isoleucina	2-metilbutanal
Fenilalanina	Fenilacetaldehído, benzaldehído

Se preparó otra fermentación con levadura Lager 2, levadura híbrida 4 o levadura híbrida 7 y se determinó la concentración de aminoácidos en la "cerveza nueva" en el Día 7 de fermentación. Los resultados se presentan en la Tabla 6b. Los parámetros experimentales fueron como se describió en el Ejemplo 2 y el análisis de los aminoácidos

se realizó como se describe en el Ejemplo 9. Los híbridos, especialmente la levadura híbrida 7, tienen menos aminoácidos restantes en la “cerveza nueva” que la levadura Lager 2; esto significa que hay menos precursores para la formación de los compuestos responsables del envejecimiento en la cerveza.

5

Tabla 6b

Aminoácido		Levadura Lager 2	Levadura híbrida 4	% de reducción de aminoácidos en la levadura híbrida 4 en comparación con la levadura Lager 2	Levadura híbrida 7	% de reducción de aminoácidos en la levadura híbrida 7 en comparación con la levadura Lager 2
His	mg/L	40	25,5	36,25 %	11,5	71,25 %
Asn	-"	8,5	5,5	35,3 %	3	64,7 %
Ser	-"	3	3,5	NA	0	100 %
Gln	-"	32	3	90,6 %	0	100 %
Arg	-"	52	24	53,85 %	6,5	87,5 %
Gly	-"	50,5	49,5	2,0 %	26,5	47,5 %
Asp	-"	17,5	6,5	62,9 %	2	88,6 %
Glu	-"	75,5	20	73,5 %	8,5	88,7 %
Thr	-"	0	2	NA	0	NA
Ala	-"	175,5	131	25,3 %	36	79,5
Pro	-"	606,5	656,5	NA	599,5	1,15 %
Cys	-"	0	0	NA	0	NA
Lys	-"	2	1	NA	1	NA
Tyr	-"	110	117	NA	91	17,3 %
Met	-"	7,5	5,5	26,7 %	2	73,3 %
Val	-"	113,5	117	NA	66,5	43,2 %
Ile	-"	44	31,5	28,4 %	6	86,4 %
Leu	-"	74,5	62	16,8 %	18,5	75,2 %
Phe	-"	97	99	NA	58	40,2 %
Trp	-"	51,5	51	1 %	40,5	21,3 %
(NA):	no					
aplicable.						

Bibliografía

- 10 Baert, J. J., J. De Clippeleer, P. S. Hughes, L. De Cooman and G. Aerts (2012). “On the Origin of Free and Bound Staling Aldehydes in Beer.” *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 60(46): 11449-11472.
- Clapperton, J. F. and I. C. MacWilliam (1971). “Fermentation of minor wort carbohydrates by brewing yeasts.” *Journal of the Institute of Brewing* 77(6): 519-522.
- 15 Deng, X., M. Petitjean, MA Teste, W. Kooli, S. Tranier, JM Francois y JL Parrou (2014). “Similarities and differences in the biochemical and enzymological properties of the four isomaltases from *Saccharomyces cerevisiae*.” *FEBS Open Bio* 4: 200-212.
- 20 Teste, M. A., J. M. Francois and J. L. Parrou (2010). “Characterization of a new multigene family encoding isomaltases in the yeast *Saccharomyces cerevisiae*, the IMA family.” *J Biol Chem* 285(35): 26815-26824.

Ejemplo 5

Se prepararon 50 L de cerveza como se especificó en el Ejemplo 3 inoculando mosto a base de malta convencional
 25 (16 °Plato) preparado a partir de dos clases diferentes de malta.

El mosto a base de malta convencional se inoculó con 10 millones de células viables/ml de levadura, seguido de fermentación a 16 °C hasta que el diacetilo se encontraba por debajo del umbral de la cerveza especificada en el Ejemplo 1.

5

Se inoculó otra malta con 15 millones de células viables/ml de levadura, seguido de fermentación a 16 °C para la levadura Lager 1 y 18 °C para la levadura híbrida 1, hasta que el diacetilo se encontraba por debajo del umbral de la cerveza especificada en el Ejemplo 1.

- 10 Se usaron 2 cepas de levadura diferentes dos mostos diferentes fabricados con 2 maltas diferentes. Se emplearon el mismo mosto y condiciones de fermentación para comparar las 2 cepas en paralelo.

Levadura Lager 1
Levadura híbrida 1

- 15 El nivel de isomaltosa y panosa en la cerveza se determinó mediante HPLC. Los resultados se presentan en la Tabla 7.

Tabla 7

Levadura	Malta	Isomaltosa (mg/L)	Panosa (mg/L)
Levadura Lager 1	Malta 1	390	300
Levadura híbrida 1	Malta 1	15	160
Levadura Lager 1	Malta 2	240	240
Levadura híbrida 1	Malta 2	15	60

- 20 La concentración de partida de panosa e isomaltosa depende del mosto, pero se ha publicado que está en el intervalo de 0,5 a 1 g/L de isomaltosa y 0,4 a 0,8 g/L de panosa (Clapperton y col., 1971). Por tanto, se cree que la levadura híbrida 1 utiliza en el intervalo de 60 % a 93 % de la panosa.

Los datos cuantitativos de la utilización de panosa e isomaltosa se obtuvieron midiendo el crecimiento de las diferentes

- 25 levaduras en medio definido con 2 g/L de panosa o 2 g/L de isomaltosa como únicas fuentes de carbono.

Las células de levadura de las soluciones madre congeladas se sembraron en estría en placas de YPD (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de glucosa y 2 % de agar-agar) y las células en crecimiento se inocularon en YPD líquido (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de glucosa).

30

Se inocularon 3 µl del cultivo de YPD líquido nocturno a 100 µl de cultivo de YNB (6,7 g/L) sin aminoácidos, pero con sulfato de amonio tamponado con hidrogenofalato de potasio a pH 5,5 (Hahn-Hagerdal B. y col., 2005) y con 2 g/L de panosa o 2 g/L de isomaltosa como únicas fuentes de carbono. El crecimiento celular se siguió midiendo la densidad óptica a 600 nm con agitación continua e incubando a 20 °C de temperatura usando Bioscreen C MBR (Oy Growth Curves Ab Ltd, Finlandia). Las cepas de levadura híbridas seleccionadas de Lager y Ale con un rendimiento de fermentación mejorado habían adquirido la capacidad de utilizar panosa (Figura 1A) e isomaltosa (Figura 2).

35

Esta mejora en la utilización de azúcares se ejemplifica con dos híbridos en las Figuras 1A y 2A.

- 40 Se realizaron experimentos similares con levadura Ale 1, levadura Lager 2 y levadura híbrida 7, así como con *S. diastaticus* y levadura híbrida 8 usando medio definido con 2 g/L de panosa como única fuente de carbono. Los resultados se presentan en las figuras 1B y 1C, respectivamente, y son representativos de réplicas biológicas. Como se puede observar, ni la levadura Lager 1, ni la levadura Lager 2, ni *S. diastaticus* son capaces de utilizar panosa como única fuente de carbono.

45

También se realizaron experimentos similares con levadura Ale 1, levadura Lager 2 y levadura híbrida 7 usando medio definido con 2 g/L de isomaltosa como única fuente de carbono. Los resultados se presentan en la figura 2B y son representativos de réplicas biológicas. Como se puede observar, ni la levadura Lager 1, ni la levadura Lager 2, ni *S. diastaticus* son capaces de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono.

50

Bibliografía

Clapperton J F, MacWilliam I C (1971) Fermentation of minor wort carbohydrates by brewing yeasts. Journal of the Institute of Brewing 77, 6: 519-522.

Hahn-Hagerdal B, Karhumaa K, Larsson CU, Gorwa-Grauslund M, Görgens J, van Zyl WH. (2005). Role of cultivation media in the development of yeast strains for large scale industrial use. *Microbial Cell Factories* 10: 4-31.

5

Ejemplo 6

Las células de levadura de las soluciones madre congeladas se sembraron en estría en placas de YPD. Se usaron para inocular 3 ml de YPD líquido y se hicieron crecer durante la noche con agitación a 22 °C en tubos de 15 ml. El cultivo crecido de 3 ml se centrifugó, el sobrenadante se desechó y las células se disolvieron en agua. Los tubos se volvieron a centrifugar, el sobrenadante se desechó y se disolvió en 3 ml de agua.

La densidad óptica (DO_{620 nm}) se midió y ajustó para comenzar a DO = 0,2 para todas las cepas y soluciones de los pocillos de las placas de 96 pocillos suministradas por Biolog Inc. technology (Hayward CA, EE. UU.). Todas las soluciones de las placas de Biolog estaban especificadas para procedimientos para *S. cerevisiae* y otras levaduras. Las placas de 96 pocillos se incubaron durante 4,5 días a 22 °C.

El sistema de Biolog permite ensayar cuantitativamente el nivel de miles de fenotipos celulares en un único experimento. Cada pocillo del ensayo está diseñado para ensayar un fenotipo individual. Biolog usa la química de oxidorreducción como sistema indicador general para analizar la respiración celular. Tiene un colorante de tetrazolio que se reduce, lo que genera color, cuando la célula puede respirar el compuesto presente en el pocillo o en presencia del compuesto en ese pocillo específico.

Se compararon tres cepas de levadura, las 2 cepas precursoras (levadura Lager 1 y levadura Ale 1) y el híbrido resultante (levadura híbrida 1). Los detalles sobre las cepas de levadura se proporcionan en el Ejemplo 1. En algunas de las condiciones, las 3 cepas presentaron diferencias en el fenotipo. La cepa híbrida 1 fue capaz de obtener nuevas características fenotípicas, por ejemplo, la capacidad de utilizar varios dipéptidos y algunos tripéptidos (véase la Tabla 8a).

30

Tabla 8a

Péptidos	Levadura Lager 1	Levadura Ale 1	Levadura híbrida 1
MET-TYR	-	-	+
LEU-TYR	-	-	+
VAL-MET	-	-	+
PHE-TYR	-	-	+
ILE-LEU	-	-	+
ILE-ASN	-	-	+
GLY-GLY-GLY	-	-	+
+ Indica crecimiento en el medio que contiene los péptidos indicados como única fuente de nitrógeno - Indica ausencia de crecimiento en el medio que contiene los péptidos indicados como única fuente de nitrógeno.			

En un experimento similar, se compararon 6 cepas de levadura, a saber, las cepas de levadura Lager 1, levadura Lager 2, levadura Ale 1, levadura híbrida 1, levadura híbrida 4 y levadura híbrida 7. Los resultados se presentan a continuación en la Tabla 8b de esta invención. Como se observa, los híbridos tienen propiedades nuevas que no se observan en las cepas precursoras. La levadura Lager 1 presentó un crecimiento escaso en Ile-Asn en este experimento, aunque no se observó crecimiento en el experimento anterior. Sin embargo, el crecimiento de la levadura Lager 1 siguió siendo significativamente inferior al crecimiento de la levadura híbrida 1.

40

Tabla 8b

Péptidos	Levadura Lager 1	Levadura Lager 2	Levadura Ale 1	Levadura híbrida 1	Levadura híbrida 4	Levadura híbrida 7
Gly-Arg	-	-	-	-/+	+	+
Ile-Asn	-/+	-	-	+	+	+

Péptidos	Levadura Lager 1	Levadura Lager 2	Levadura Ale 1	Levadura híbrida 1	Levadura híbrida 4	Levadura híbrida 7
Lys-Tyr	-/+	-	-	-/+	+	+
Met-Lys	-/+	-	-	-/+	+	+
Val-Ala	-/+	-	-	+	+	+
Val-Asn	-	-	-	-/+	+	+
Val-Gly	-	-	-	-/+	+	+
Val-Gln	-	-	-	+	+	+
Val-Met	-	-	-	+	+	-/+
Val-Ser	-/+	-	-	+	+	+

Las levaduras híbridas 4 y 7 no presentaron un crecimiento significativo en Met-Tyr, Leu-Tyr, Phe-Tyr, Ile-Leu o Gly-Gly como única fuente de nitrógeno.

- 5 La levadura híbrida 1 también ha adquirido varios fenotipos no encontrados en la levadura Lager 1, por ejemplo, la capacidad de crecer en varios dipéptidos que tienen la fórmula Ala-Xaa, donde Xaa puede ser cualquier aminoácido. Esta capacidad está a menudo vinculada a la capacidad de utilizar alantoína, que la levadura híbrida también es capaz de utilizar (véase la Tabla 9a).

10 Tabla 9a

Péptidos	Levadura Lager 1	Levadura Ale 1	Levadura híbrida 1
Ala-Glu	-	+	+
Ala-Gly	-	+	+
Ala-His	-/+	+	+
Ala-Thr	-/+	+	+
Alantoína	-	+	+
+ Indica crecimiento en el medio que contiene los péptidos indicados como única fuente de nitrógeno - Indica ausencia de crecimiento en el medio que contiene los péptidos indicados como única fuente de nitrógeno -/+ significa crecimiento retardado o crecimiento con un periodo de latencia			

También las levaduras híbridas 4 y 7 son capaces de utilizar dipéptidos Ala-Xaa como única fuente de nitrógeno, como se muestra en la Tabla 9b.

15 Tabla 9b

Péptidos	Levadura Lager 2	Levadura híbrida 4	Levadura híbrida 7
Ala-Glu	-	-/+	+
Ala-Gly	-	-/+	+
Ala-Thr	-/+	+	+

Los dipéptidos y tripéptidos son parte del FAN. FAN es el nitrógeno amino libre, y es una medida del contenido de nitrógeno del mosto o la cerveza. El FAN está compuesto por aminoácidos, iones de amonio y péptidos pequeños que están en el mosto y garantizan un rendimiento de fermentación deseable para la levadura (Lekkas C y col. 2009). Se

- 20 pueden encontrar muchas combinaciones de dipéptidos diferentes en el mosto.

La levadura híbrida 1 puede utilizar varios dipéptidos/tripéptidos ensayados diferentes que podrían estar presentes en el mosto y, por lo tanto, tiene un abanico más amplio de sustratos de FAN que podrían ser precursores de la biomasa celular, fuente de carbono o precursores de los sabores.

25

Bibliografía

Lekkas C, Hill AE, Taidi B, Hodgson J, Stewart GG (2009). The role of small wort peptides in brewing fermentations. J. Inst. Brew. 115 (2), 134-139.

Ejemplo 7

- Los se obtuvieron sembrando réplicas de cultivos líquidos de YPD de levaduras que se habían crecido en placas de 96 pocillos en placas de YPGalactosa (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de galactosa y 2 % de agar-agar) con 50 µg/ml de x-alfa-gal (Clontech, Mountain View, EE. UU.) e incubando las placas durante 5 días a 22 °C. X-alfa gal es un análogo cromogénico de la melibiosa y, si la levadura puede utilizar melibiosa, la colonia de levadura se tornará azul y, si la levadura no es capaz de utilizar melibiosa, entonces la colonia de levadura será blanca.
- 10 Los resultados indican (Tabla 9) que todas las levaduras Lager ensayadas fueron positivas para la utilización de melibiosa (color azul de la colonia), todas las levaduras Ale ensayadas fueron negativas para la utilización de melibiosa (color blanco de la colonia) y los híbridos fueron positivos o negativos para la utilización de melibiosa (color azul o blanco de la colonia) en función de lo que habían heredado.

15 **Tabla 9**

Levadura	Color de la colonia de levadura
Levadura Lager 1, 2, 3 y 4	Azul
Levadura Ale 1, 2, 3, 4 y 5	Blanco
Levadura híbrida 1	Blanco
Levadura híbrida 4	Azul
Levadura híbrida 5	Azul
Levadura híbrida 6	Azul

Los **datos cuantitativos** de la melibiosa se obtuvieron midiendo el crecimiento de levadura en medio definido con 2 g/L de melibiosa como única fuente de carbono.

- 20 Las células de levadura de las soluciones madre congeladas se sembraron en estría en placas de YPD y las células en crecimiento se inocularon a YPD líquido.

- Se inocularon 3 µL del cultivo de YPD líquido nocturno a 100 µL de cultivo de YNB (6,7 g/L) sin aminoácidos, pero con sulfato de amonio tamponado con hidrogenofalato de potasio a pH 5,5 (Hahn-Hagerdal B. y col. 2005) y con 2 g/L de melibiosa como fuente de carbono. El crecimiento celular se siguió midiendo la densidad óptica a 600 nm con agitación continua e incubando a 20 °C de temperatura usando Bioscreen C MBR (Oy Growth Curves Ab Ltd, Finlandia). Los híbridos de Lager y Ale habían adquirido la capacidad de utilizar melibiosa, pero no todos los híbridos (esto se ejemplifica con tres híbridos en la Figura 3).
- 25

30 **Bibliografía:**

Hahn-Hagerdal B, Karhumaa K, Larsson CU, Gorwa-Grauslund M, Görgens J, van Zyl WH. (2005). Role of cultivation media in the development of yeast strains for large scale industrial use. Microbial Cell Factories 10: 4-31.

35 **Ejemplo 8****Utilización mejorada de disacáridos y trisacáridos**

- Se prepararon 50 L de cerveza como se especificó en el Ejemplo 3 inoculando mosto a base de malta con 15 millones de células viables/ml, seguido de fermentación hasta que el diacetilo se encontraba por debajo de 30 ppb. La malta se preparó a partir de cebada para cerveza convencional, o a partir de cebada exenta de lipoxigenasa.
- 40

- Se usaron 2 cepas de levadura diferentes: levadura Lager 1 y levadura híbrida 1. Se emplearon el mismo mosto y condiciones de fermentación para comparar las 2 cepas en paralelo, con la excepción de que la fermentación con levadura Lager 1 se realizó a 18 °C, mientras que la fermentación con levadura híbrida 1 se realizó a 16 °C. Hubo tres cervezas independientes preparadas con las mismas cepas y el nivel de los diferentes azúcares se determinó mediante RMN. Los resultados representativos se presentan en la Figura 4 para los niveles de azúcares específicos que fueron diferentes en la cerveza embotellada final.
- 45

- 50 Los resultados de RMN demuestran que la levadura híbrida 1 presentaba una utilización mejorada de isomaltosa, panosa, nigerosa, coibiosa y otros carbohidratos no identificados (Figura 4). Sin embargo, la levadura Lager 1 no es

capaz de utilizar esos azúcares.

Los disacáridos isomaltosa y maltulosa y los trisacáridos panosa y maltotriulosa son azúcares secundarios en los medios de mosto usados para fabricar cerveza (Clapperton y MacWilliam 1971). Nuestros resultados demuestran que también hay otros disacáridos como la nigerosa, coibiosa y trehalosa que estaban presentes en la cerveza fabricada con levadura Lager 1 (Figura 4). La mejora de la utilización de azúcares de esos azúcares presentes en cantidades bajas puede explicar la mejor utilización total de los azúcares y una mejora del rendimiento de producción de etanol con la levadura híbrida 1.

10 Ejemplo 9

Se prepararon 50 L de cerveza de la generación 1 inoculando mosto a base de malta convencional (13,6 °Plato) preparado a partir de cualquier malta con 15 millones de células viables de levadura/ml como inóculo, seguido de fermentación a 18 °C durante 5 días y a 14 °C durante 2 días. El inóculo celular se obtuvo de un tanque de propagación anterior. La malta usada para preparar el mosto se compró a DMG en Dinamarca. En el día 6, se tomaron muestras de mosto fermentado, correspondientes a las muestras de "cerveza nueva", se centrifugaron y el sobrenadante se congeló a -20 °C hasta que fue analizado (Tabla 10). La concentración de aminoácidos libres se determinó mediante UPLC con detección de matriz de fotodiodos usando el kit de derivatización AccQ-Tag Ultra de Waters, esencialmente como describe el proveedor. Las separaciones se realizaron en una columna de análisis de aminoácidos AccQ-Tag de Waters usando eluyente premezclado A y B según las instrucciones del fabricante (Waters). También se comparó una muestra del mosto original usado para fermentar con las muestras fermentadas. La concentración de aminoácidos se comparó entre todas las muestras de cerveza nueva frente a una muestra del mosto original (Tabla 10).

El nivel de aminoácidos residuales en la cerveza nueva fermentada con levaduras híbridas es muy inferior en comparación con la cerveza nueva fermentada con levadura Lager 1, lo que es beneficioso en términos de envejecimiento de la cerveza y estabilidad de la cerveza. Se cree que en la cerveza fabricada con levaduras híbridas se formarán menos aldehídos de Strecker a partir de esos aminoácidos durante el almacenamiento. Los aldehídos de Strecker son componentes importantes del sabor "añejo" de la cerveza que proceden en parte de los aminoácidos de la propia cerveza embotellada. Los aminoácidos que han demostrado formar aldehídos de Strecker con un umbral sensorial bajo son valina, isoleucina, leucina, metionina y fenilalanina (Baert, De Clippeleer y col. 2012). La formación de aldehídos de Strecker juega un papel crucial, porque un aumento en su concentración otorga una percepción sensorial creciente de "sabores añejos". La cerveza fabricada con las levaduras híbridas 1 y 4 tendrá menos sabores añejos debido al consumo superior de aminoácidos y este efecto será más pronunciado en fermentaciones de alta densidad o maltas de mosto con concentraciones superiores de fuentes de FAN.

El aminoácido prolina también fue utilizado por las levaduras híbridas 1 y 4, pero no por la levadura Lager en la cerveza nueva. El aminoácido prolina es el componente aminoacídico principal del mosto, aunque es el más difícil de asimilar, por lo que las levaduras híbridas con una utilización mejorada de la prolina tendrán esta capacidad adicional de utilizar esta fuente de nitrógeno que la levadura Lager no puede utilizar.

Tabla 10. Análisis de aminoácidos (mg/L) de cerveza nueva del día

	His	Asn	Ser	Gln	Arg	Gly	Asp
MOSTO ORIGINAL	44	78	65	21	93	27	56
CERVEZA NUEVA							
Levadura híbrida 1							
Nivel total	4	2	0	15	0	6	0
(% de nivel en el mosto)	(9 %)	(3 %)	(0 %)	(71 %)	(0 %)	(22 %)	(0 %)
CERVEZA NUEVA							
Levadura Lager 1							
Nivel total	18	3	2	20	11	20	3
(% de nivel en el mosto)	(41 %)	(4 %)	(3 %)	(95 %)	(12 %)	(74 %)	(5 %)
CERVEZA NUEVA							
Levadura híbrida 4							
Nivel total	10	2	0	17	3	11	0
(% de nivel en el mosto)	(23 %)	(3 %)	(0 %)	(81 %)	(3 %)	(41 %)	(0 %)

	His	Asn	Ser	Gln	Arg	Gly	Asp
	Glu	Thr	Ala	Pro	Cys	Lys	Tyr
MOSTO ORIGINAL	84	50	92	270	0	74	78
CERVEZA NUEVA							
Levadura híbrida 1							
Nivel total	0	0	4	227	0	2	0
(% de nivel en el mosto)	(0 %)	(0 %)	(4 %)	(84 %)	(0 %)	(3 %)	(0 %)
CERVEZA NUEVA							
Levadura Lager 1							
Nivel total	21	0	68	270	0	4	22
(% de nivel en el mosto)	(25 %)	(0 %)	(74 %)	(100 %)	(0 %)	(5 %)	(28 %)
CERVEZA NUEVA							
Levadura híbrida 4							
Nivel total	2	0	14	250	13	2	0
(% de nivel en el mosto)	(2 %)	(0 %)	(15 %)	(93 %)	-	(3 %)	(0 %)
	Met	Val	Ile	Leu	Phe	Trp	Suma total
MOSTO ORIGINAL	24	88	47	112	98	48	1448
CERVEZA NUEVA							
Levadura híbrida 1							
Nivel total	0	0	0	0	0	3	263
(% de nivel en el mosto)	(0 %)	(0 %)	(0 %)	(0 %)	(0 %)	(6 %)	(18 %)
CERVEZA NUEVA							
Levadura Lager 1							
Nivel total	0	15	2	2	10	28	518
(% de nivel en el mosto)	(0 %)	(17 %)	(4 %)	(2 %)	(10 %)	(58 %)	(36 %)
CERVEZA NUEVA							
Levadura híbrida 4							
Nivel total	0	2	0	2	0	18	346
(% de nivel en el mosto)	(0 %)	(2 %)	(0 %)	(2 %)	(0 %)	(38 %)	(24 %)
Baert, J. J., J. De Clippeleer, P. S. Hughes, L. De Cooman and G. Aerts (2012). "On the Origin of Free and Bound Staling Aldehydes in Beer." Journal of Agricultural and Food Chemistry 60(46): 11449-11472.							

Ejemplo 10

La secuencia genómica de la levadura híbrida 1 descrita en el Ejemplo 1 se determinó como se indica a continuación.

- 5 La extracción del ADN genómico y secuenciación del genoma completo y el ensamblaje del genoma fueron realizados por LGC Genomics GmbH (Berlín, Alemania). Para la secuenciación individual de genes adicional, se realizó la extracción de ADN genómico de las cepas mediante el kit de purificación de ADN de levadura MasterPure™ (Epicenter, Illumina Denmark ApS, Copenhagen, Dinamarca). La amplificación por PCR del ADN genómico se realizó
- 10 con mezcla de enzimas para PCR de alta fidelidad o polimerasa Dream Taq con un número bajo de ciclos de PCR, ambas de Thermo Fisher Scientific Baltics UAB (Vilnius, Lituania). Los productos de la PCR se purificaron mediante NucleoSpin y PCR Clean-up (Macherey-Nagel, Düren, Alemania). La clonación de los productos de la PCR se llevó a

cabo con el kit TOPO® TA Cloning® para secuenciación y se seleccionaron en placas de ampicilina LB enriquecidas con beta-X-galactosa. Los plásmidos se purificaron con el kit GeneJET Plasmid Miniprep de Thermo Fisher Scientific Baltics UAB (Vilnius, Lituania). La secuenciación de plásmidos se realizó en Eurofins Genomics (Ebersberg, Alemania).

- 5 La levadura híbrida 1, levadura Lager 1 y levadura Ale 1 se analizaron para identificar diversos genes seleccionados usando indistintamente la secuencia del genoma ensamblada y/o la secuencia de los productos de la PCR. La secuencia proteica se dedujo a partir de la secuencia genética o a partir de la secuencia de los productos de la PCR usando el código genético.
- 10 La levadura híbrida 4, levadura híbrida 7 y levadura Lager 2 se analizaron para identificar diversos genes seleccionados usando la secuencia de los productos de la PCR. Las secuencias se obtuvieron mediante amplificación por PCR con enzima para PCR de alta fidelidad, seguido de clonación y secuenciación de los clones de PCR individuales, si procede. Los genes alélicos de la levadura híbrida 4 y la levadura híbrida 7 se identificaron por PCR, clonación y secuenciación. Los genes alélicos de la levadura Lager 2 se identificaron por PCR y secuenciación (IMA1) o se ensamblaron a partir de la secuencia genómica (AGT1). La secuencia proteica se dedujo a partir de la secuencia de los productos de la PCR usando el código genético.

Los alelos LONG_IMA1 presentados aquí están definidos por una combinación de **3** aminoácidos: **I** (isoleucina) o **T** (treonina) en la posición 165, **R** (arginina) o **K** (lisina) en la posición 287 e **Y** (tirosina) o **F** (fenilalanina) en la posición 336. Los motivos distintivos de los aminoácidos para los alelos LONG_IMA1 de Ale 1 son **I-R-F** y **I-K-F**. La levadura Lager 1 y la levadura Lager 2 tienen el motivo **T-R-Y**. La levadura híbrida 1 contiene un alelo **I-K-F** y un alelo **T-R-Y**. La levadura híbrida 4 contiene un motivo **I-R-F**. La levadura híbrida 4 también contiene un alelo híbrido nuevo con motivo distintivo de **I-R-Y**. La levadura híbrida 7 contiene un alelo **I-K-F** y un alelo **T-R-Y**. La levadura híbrida 7 también contiene un alelo híbrido nuevo con motivo **I-R-Y** que es idéntico a la proteína codificada por la levadura híbrida 4.

- 25 La Tabla 11a resume el estado de diversos genes implicados en la utilización de dipéptidos en la levadura Lager 1, la levadura Ale 1 y la levadura híbrida 1.

Tabla 11a

Gen	Función	Levadura Lager 1	Levadura Ale 1	Levadura híbrida 1
<i>DAL5</i> *	Transporte de dipéptidos con Ala en el extremo amino	<i>no Sc</i>	<i>Sc</i>	<i>Alelo Sc que codifica la SEQ ID NO: 6</i>
<i>PTR2</i> **	Proteína transportadora de péptidos (di-/tripéptidos)	<i>Sc; no Sc</i>	<i>Sc</i>	2 alelos <i>Sc</i> que codifican la SEQ ID NO: 7 y SEQ ID NO: 8 alelo <i>no Sc</i> que codifica la SEQ ID NO: 9
<i>UBR1</i> ***	E3 ubiquitina ligasa (componente de reconocimiento): ruta de degradación peptídica	<i>Sc; no Sc</i>	<i>Sc (codón de terminación prematuro - proteína truncada)</i>	<i>alelo Sc que codifica UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10 alelo no Sc que codifica la SEQ ID NO: 11</i>

*DAL5 es un ejemplo de un gen heredado por la levadura híbrida 1 de la levadura Ale 1 precursora. El término *Sc* en lo que respecta a DAL5 se refiere a la proteína DAL5 de *S. cerevisiae* de SEQ ID NO: 6. En la figura 5 se muestra una alineación de secuencias proteicas de DAL5.

**PTR2 es un ejemplo en el que la levadura híbrida 1 tiene un aumento del número de copias. Por tanto, la levadura híbrida 1 ha heredado un alelo *no Sc* de la levadura Lager 1 y al menos 2 alelos *Sc* de ambas de sus cepas precursoras. Solo se investigaron fragmentos de los alelos de PTR2 de la levadura híbrida 1.

***UBR1 es un ejemplo de un gen con complementación de actividad en la levadura híbrida 1. La levadura Ale 1 codifica una proteína truncada (900 aa en lugar de 1951 aa) que conduce a la ausencia del dominio responsable de la activación de la degradación de Cup9p y, en consecuencia, de la represión de la expresión de PTR2; la levadura híbrida 1 ha heredado ambos alelos *Sc* y *no Sc* de la levadura Lager 1, complementando de ese modo la actividad de Ubr1p hacia la degradación de Cup9p y, en consecuencia, activando adicionalmente la capacidad de expresión de PTR2. En la figura 6 se presenta una alineación de los alelos *Sc* de PTR2 de levadura Ale 1, levadura híbrida 1 y levadura Lager 1, y en la figura 7 se presenta una alineación de los alelos *no Sc* de levadura Lager 1 y levadura híbrida 1.

30

Las secuencias genómicas de la levadura híbrida 1 y la levadura híbrida 7 se estudiaron adicionalmente y los resultados se resumen en la Tabla 11b. Estos análisis están basados en las secuencias genómicas disponibles en DDBJ/EMBL/GenBank con el número de entrada LOQJ00000000, versión LOQJ01000000 y en DDBJ/EMBL/GenBank con la entrada LOQK00000000, versión LOQK01000000TPTR2, respectivamente.

El análisis de la variación alélica de PTR2 se realizó en base a las secuencias genómicas (véanse los números de entrada anteriores). La levadura híbrida 1 y la levadura híbrida 7 retuvieron ambas la copia de no Sc de PTR2. En la tabla 11a se presenta una copia de Sc fragmentada de la levadura híbrida 1. La Tabla 11b muestra la copia intacta de Sc de PTR2 de la levadura híbrida 1 en la secuencia genómica. Es posible que la levadura híbrida 1 contenga 3 alelos que codifican PTR2 como se indica en la Tabla 11a. La levadura híbrida 7 también tiene Sc de PTR2. En ambos híbridos, la secuencia proteica de Sc de PTR2 muestra la hibridación entre copias de Sc de PTR2 de levadura Ale 1 y Sc de PTR2 de levadura Lager 1 y 2.

- 10 El análisis de la variación alélica de DAL5 se realizó en base a las secuencias genómicas (véanse los números de entrada anteriores). La levadura híbrida 1 y la levadura híbrida 7 han retenido Sc de DAL5 de la levadura Ale 1. La levadura híbrida 7 también ha retenido no Sc de DAL5.

- 15 El análisis de la variación alélica de UBR1 se realizó en base a las secuencias genómicas (véanse los números de entrada anteriores). Ambas levaduras Lager precursoras tienen una copia de Sc que está truncada de manera diferente. Anteriormente, la búsqueda de datos genómicos de la Lager 1 arrojaba solo secuencias fragmentadas que no permitían determinar el codón de terminación prematuro. Ambas levaduras híbridas retuvieron no Sc de UBR1 de la cepa Lager precursora. La copia de Sc detectada en ambos híbridos fue heredada de la cepa Ale 1 precursora.

20

Tabla 11b

	Levadura Lager 2 (Lager 2)	Levadura Ale 1 (Ale 1)	Levadura híbrida 1 (Híbrido 1)	Levadura híbrida 7 (Híbrido 7)
PTR2	Copia de Sc Copia de no Sc	Copia de Sc con diferencia de 6 aminoácidos con la copia de Sc de Lager	Un alelo <u>híbrido</u> de tipo Sc que codifica la SEQ ID NO: 43 Un alelo no Sc que codifica la SEQ ID NO: 44	Un alelo <u>híbrido</u> de tipo Sc que codifica una proteína que comprende la SEQ ID NO: 37 Un alelo no Sc que codifica la SEQ ID NO: 38
DAL5	Copia de no Sc	Copia de Sc	Una copia de Sc (véase la Tabla 11a)	Un alelo Sc que codifica la SEQ ID NO: 39 Un alelo no Sc que codifica la SEQ ID NO: 40
UBR1	Copia de Sc truncada, 1544; copia de no Sc	Copia de Sc truncada, 900 aminoácidos	Un alelo Sc que codifica una proteína que comprende la SEQ ID NO: 45	Un alelo Sc, igual que en Ale 1, que codifica una proteína que comprende la SEQ ID NO: 41 Un alelo no Sc que codifica la SEQ ID NO: 42
			Un alelo no SC (véase la Tabla 11a)	

La Tabla 12a resume el estado de diversos genes implicados en la utilización de azúcares en la levadura Lager 1, la levadura Ale 1 y la levadura híbrida 1.

	Lager 1	Ale 1	Híbrido 1
IMA1_Sc_allele_short	No encontrado	1 alelo	2 alelos que codifican la SEQ ID NO: 12 y la SEQ ID NO: 13, respectivamente.
IMA1_Sc_allele_long	1 alelo que codifica una proteína con 99 % de identidad de secuencia de aminoácidos con AWRI1631 y Kyokai n.º 7 de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	2 alelos	1 alelo similar a Lager 1 que codifica la SEQ ID NO: 14 1 alelo similar a Ale 1 que codifica la SEQ ID NO :15
IMA5	<u>2 alelos:</u> <u>Alelo 1: copia de Sc de gen tipo IMA5</u> <u>Alelo 2 : no Sc de IMA5</u>	<u>1 alelo:</u> <u>copia de Sc de gen tipo IMA5</u>	<u>2 alelos:</u> <u>copia de no Sc de gen tipo IMA5 que codifica la SEQ ID NO: 16</u> <u>Sc de gen tipo IMA5 similar al alelo de Ale 1 que codifica la SEQ ID NO: 17</u>
AGT1	<u>2 alelos, pero solo uno funcional:</u> <u>Alelo 1: la copia de Sc tiene codón de terminación (T adicional en poli-T)</u>	<u>1 alelo:</u> Copia de Sc	<u>3 alelos:</u> Copia de no Sc 100 % idéntica a la copia de no Sc de AGT1 encontrada en

	Lager 1	Ale 1	Híbrido 1
			Lager 1. La copia de no Sc de AGT1 codifica la SEQ ID NO: 18.
	→ CDS truncada.		2 alelos Sc muy similares a la copia de Sc encontrada en Ale 1 que codifica la SEQ ID NO: 19 y la SEQ ID NO: 20, respectivamente.
	<u>Alelo 2: copia de no Sc que codifica una proteína con 87 % de identidad de secuencia a S288C</u>		

La Tabla 12b resume el estado de diversos genes implicados en la utilización de azúcares en la levadura Lager 2, la levadura híbrida 4 y la levadura híbrida 7.

	Levadura Lager 2	Levadura híbrida 4	Levadura híbrida 7
LONG_IMA1	1 alelo:	3 alelos:	3 alelos:
		dos alelos que codifican la SEQ ID NO: 21 y un alelo que codifica la SEQ ID NO: 22. Todos los alelos tienen naturaleza híbrida en cuanto a la secuencia de nucleótidos.	un alelo es idéntico al alelo de Lager 2 y codifica la SEQ ID NO: 24; un alelo es idéntico a uno de los alelos de Ale 1 y codifica la SEQ ID NO: 23 y un alelo tiene naturaleza híbrida y codifica la SEQ ID NO: 25.
AGT1	2 alelos:	3 alelos:	4 alelos:
	<u>Alelo 1: alelo Sc que contiene un codón de terminación prematuro y codifica una proteína truncada</u>	<u>Alelo 1: alelo Sc que contiene un codón de terminación que codifica una proteína truncada, SEQ ID NO: 26.</u>	<u>2 alelos no Sc: uno idéntico a la copia no Sc de Lager 2 que codifica la SEQ ID NO: 31, y uno que codifica la SEQ ID NO: 32 que tiene 1 cambio de aminoácidos</u>
	<u>Alelo 2: alelo no Sc</u>	<u>2 alelos no Sc: uno idéntico a la copia no Sc de Lager 2 que codifica la SEQ ID NO: 28 y uno que codifica la SEQ ID NO: 27 que tiene un cambio de 1 aminoácido</u>	<u>2 alelos Sc: uno idéntico al alelo Sc de Ale 1 que codifica la SEQ ID NO: 30 y otro idéntico al alelo Sc de Lager 2 que codifica la SEQ ID NO: 29 de una proteína truncada.</u>

5 Varios genes pueden estar implicados en la utilización de isomaltosa. Esto incluye a Agt1p, que es un transportador de azúcares que puede transportar isomaltosa. Asimismo, hay 5 enzimas de isomaltasa diferentes que son alfa-1,6-glucosidasas, pero que también tienen otras actividades de glucosidasa.

10 En base a la información de la secuencia genómica, no se identificó ningún gen **IMA1** con una secuencia codificadora completa en la levadura Lager 1, y otras cepas de *S. pastorianus* encontradas en la base de datos del NCBI tampoco tenían una copia del gen *IMA1* de *S. cerevisiae*. Interesantemente, la levadura híbrida 1 contiene 4 alelos diferentes del gen *IMA1* de dos longitudes diferentes.

15 La secuencia de gen tipo IMA5 está presente en el genoma de la levadura Lager 1. En la levadura híbrida 1 había 2 alelos, una copia que no era de *S. cerevisiae* idéntica a la levadura Lager 1 y una copia de *S. cerevisiae* muy similar a la secuencia encontrada en la levadura Ale 1, pero con cambios de 3 aminoácidos.

20 Se ha demostrado que el transporte de maltotriosa e isomaltosa es facilitado por el transportador de alfa-glucósidos de alta afinidad codificado por el gen *AGT1*. Este transportador tiene una especificidad de sustrato amplia.

25 En la levadura Lager 1 solo encontramos una copia completa del transportador AGT1 que no procedía de *S. cerevisiae*, la copia de *S. cerevisiae* estaba truncada. Por el contrario, la levadura híbrida 1 tenía 3 copias completas del gen *AGT1*, una idéntica a la copia que no era de *S. cerevisiae* encontrada en la levadura Lager 1 y dos alelos de *S. cerevisiae* muy similares a los genes AGT1 encontrados en la levadura Ale 1, pero con un cambio de aminoácido cada uno.

30 En la levadura híbrida 4, se identificaron 2 copias de longitud completa de AGT1 que no era de *S. cerevisiae*, llevando una copia un cambio de 1 aminoácido. En la levadura híbrida 7, se identificaron 3 copias de longitud completa: una totalmente idéntica al AGT1 de la levadura Ale 1 y 2 alelos de AGT1 que no era de *S. cerevisiae* con una copia que llevaba un cambio de 1 aminoácido.

Además del estudio de la secuencia genómica como se describió anteriormente, se obtuvo información adicional sobre IMA1_short en la levadura Lager 1 y la levadura Lager 2, así como en la levadura híbrida 1, la levadura híbrida 4 y la levadura híbrida 7 mediante clonación y secuenciación usando cebadores específicos para el locus de IMA1_short de la levadura Ale 1 como se describió anteriormente. En base a la información de la secuencia genómica, no se encontró ningún gen IMA1_short en las secuencias genómicas de las levaduras Lager 1 y Lager 2. Sin embargo, la clonación y secuenciación del IMA1 corto de ambas acepas parentales de levadura Lager demostró que está presente un gen, pero este codifica una proteína con una diferencia de 6 aminoácidos con respecto a la proteína de IMA1_short de la levadura Ale 1. Los datos se resumen en la Tabla 12c que se presenta más adelante.

- 10 En la clonación y secuenciación de la levadura híbrida 1 se identificaron 3 alelos cortos de IMA1: los dos alelos descritos anteriormente en esta invención y un alelo adicional con naturaleza híbrida en cuanto a la secuencia de nucleótidos y también a nivel de proteína (secuencia proteica proporcionada como SEQ ID NO:1). Las levaduras híbridas 4 y 7 retuvieron el alelo corto de IMA1 de ambas cepas parentales, pero la clonación también identificó alelos adicionales con un cambio exclusivo de aminoácidos en ambos híbridos. Por tanto, las tres cepas híbridas contenían
- 15 3 alelos cortos de IMA1.

El análisis de la variación alélica de IMA5 se realizó en base a las secuencias disponibles en las secuencias genómicas. Además de los alelos descritos anteriormente en la Tabla 12a, la levadura híbrida 1 contenía un alelo adicional. Por tanto, la levadura híbrida 1 y la levadura híbrida 7 retuvieron ambas las copias Sc de IMA5 y no Sc de IMA5. La

20 levadura híbrida 7 tiene un alelo Sc de IMA5 híbrido exclusivo resultante de la recombinación entre la levadura Ale 1 y la levadura Lager 2 en el locus de Sc de IMA5. La hibridación resulta evidente a partir de las secuencias de nucleótidos y es visible en la secuencia proteica.

Tabla 12c

	Levadura Lager 1 (Lager 1)	Levadura Lager 2 (Lager 2)	Levadura Ale 1 (Ale 1)
IMA1_short	<u>1 alelo</u> clonado por PCR con diferencia de 6 aminoácidos con Ale 1	<u>1 alelo</u> clonado por PCR e idéntico a Lager 1 (SEQ ID NO: 2)	<u>1 alelo</u> (confirmado por clonación)
IMA5	<u>2 alelos:</u>	<u>2 alelos:</u>	<u>1 alelo:</u>
	<i>copia de Sc de IMA5 (diferencia de 3 aminoácidos con Ale 1)</i>	<i>copia de Sc de IMA5 (idéntica a Lager 1)</i>	<i>copia de Sc de IMA5</i>
	no Sc de IMA5	no Sc de IMA5 (<i>tiene 2 SNP con respecto a Lager 1 en la región codificante</i>)	
	Levadura híbrida 1 (Híbrido 1)	Levadura híbrida 4 (Híbrido 4)	Levadura híbrida 7 (Híbrido 7)
IMA1_short	<u>3 alelos</u> encontrados mediante clonación:	<u>3 alelos</u> encontrados mediante clonación:	<u>3 alelos</u> encontrados mediante clonación:
	Un alelo (vA) es idéntico al alelo de Ale 1 y un alelo (vB) es como Ale1 con un cambio de un aminoácido.	Un alelo idéntico al alelo de Lager 2 que codifica la SEQ ID NO: 2; un alelo es idéntico al alelo de Ale 1 que codifica la SEQ ID NO: 3 y otro alelo tiene un cambio de nucleótidos, pero también codifica la SEQ ID NO: 3.	Un alelo es idéntico al alelo de Lager 2 y codifica la SEQ ID NO: 5
	Estos dos alelos codifican la SEQ ID NO: 12 y la SEQ ID NO: 13.		Un alelo es idéntico al alelo de Ale 1 y codifica la SEQ ID NO: 33
	Un alelo es exclusivo del híbrido 1 y codifica la SEQ ID NO: 1.		Un alelo es similar al alelo de Lager 2 con cambio de nucleótidos y un cambio único de aminoácidos (SEQ ID NO: 4).
IMA5	<u>3 alelos:</u>	ND	<u>2 alelos:</u>
	Un alelo Sc de IMA5 similar al alelo de Ale 1 que codifica la SEQ ID NO: 17		Un alelo de Sc de IMA5, que es una copia híbrida exclusiva que codifica la SEQ ID NO: 35

	Levadura Lager 1 (Lager 1)	Levadura Lager 2 (Lager 2)	Levadura Ale 1 (Ale 1)
	Un alelo único identificado por clonación que codifica IMA5 con cambios exclusivos de 3 aminoácidos (SEQ ID NO: 34)		Un alelo no Sc de IMA5 idéntico a los alelos de Lager 2 que codifican la SEQ ID NO: 36
	Un alelo no Sc de IMA5 similar al alelo de Lager 1 que codifica la SEQ ID NO: 16		

Ejemplo 11

Los datos de la utilización de maltulosa, maltotriosa y coibiosa se obtuvieron midiendo el crecimiento de las diferentes levaduras en medio definido con 2 g/L de maltulosa o 2 g/L de maltotriosa o 2 g/L de coibiosa como únicas fuentes de carbono.

Las células de levadura de las soluciones madre congeladas se sembraron en estría en placas de YPD (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de glucosa y 2 % de agar-agar) y las células en crecimiento se inocularon a YPD líquido (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de glucosa).

Se inocularon 3 µL del cultivo de YPD líquido nocturno a 100 µL de cultivo de YNB (6,7 g/L) sin aminoácidos, pero con sulfato de amonio y tamponado con hidrogenofalato de potasio a pH 5,5 (Hahn-Hagerdal B. y col. 2005) y con 2 g/L de maltulosa o 2 g/L de maltotriosa o 2 g/L de coibiosa como únicas fuentes de carbono.

El crecimiento celular se siguió midiendo la densidad óptica a 600 nm con agitación continua e incubando a 20 °C de temperatura usando Bioscreen C MBR (Oy Growth Curves Ab Ltd, Finlandia).

Se ensayó si la levadura Ale 1, la levadura híbrida 1, la levadura híbrida 4 y la levadura híbrida 7 son capaces de utilizar maltotriosa como única fuente de carbono. Los resultados se presentan en la figura 13.

También se ensayó si la levadura Ale 1, la levadura híbrida 1, la levadura híbrida 4, la levadura híbrida 7, *S. diastaticus* y la levadura híbrida 8 son capaces de utilizar maltulosa como única fuente de carbono. Los resultados se presentan en la figura 14.

También se ensayó si la levadura Ale 1, la levadura Lager 1, la levadura Lager 2, *S. diastaticus*, la levadura híbrida 1, la levadura híbrida 4, la levadura híbrida 7 y la levadura híbrida 8 son capaces de utilizar coibiosa como única fuente de carbono. Los resultados se presentan en la figura 15. Como se puede observar, ni la levadura Lager 1 ni la levadura Lager 2 pueden utilizar coibiosa como única fuente de carbono, mientras que *S. diastaticus* solo puede utilizar coibiosa como única fuente de carbono de manera muy deficiente.

Ejemplo 12

Para investigar adicionalmente el grado real de fermentación obtenido al fermentar usando levadura híbrida 7, se realizaron estudios a gran escala. El mosto preparado a gran escala a partir de diferentes mezclas se fermentó en diferentes ubicaciones con indistintamente levadura Lager 2 o levadura híbrida 7 hasta que el diacetilo se encontraba dentro de las especificaciones. Se determinó el grado real de fermentación (GRF). La Tabla 13 muestra el aumento absoluto en el % de GRF obtenido después de la fermentación con levadura híbrida 7 en comparación con el GRF obtenido después de la fermentación con levadura Lager 2.

El mosto se preparó macerando diferentes proporciones de malta, cebada (es decir, granos de cebada sin maltear) y arroz. Además, se añadieron cantidades variables de jarabe de glucosa. La proporción de malta:cebada:jarabe de glucosa usada para preparar los diferentes mostos también se indica en la tabla 13.

Tabla 13

País	Polonia	India	Finlandia	Rusia
Composición (malta:cebada:jarabe de glucosa:arroz)	51:20:29:0	35:0:0:65	68:22:10:0	73:20:7:0

País	Polonia	India	Finlandia	Rusia
Aumento del GRF	2 %	1 %	3 %	2,3 %

Abreviaturas

- GRF grado real de fermentación
- 5 YPD (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de glucosa)
- Placas de YPD (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de glucosa y 2 % de agar-agar)
- YNB (base nitrogenada de levadura)
- DO densidad óptica
- HPLC cromatografía líquida de alta resolución
- 10 Placas de YPGalactosa (1 % de extracto de levadura, 2 % de peptona, 2 % de glucosa y 2 % de agar-agar)

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Carlsberg Breweries A/S

<120> Levadura para preparar bebidas alcohólicas

5

<130> P3410PC00

<160> 45

10 <170> PatentIn versión 3.5

<210> 1

<211> 520

<212> PRT

15 <213> Levadura híbrida_1

<400> 1

ES 2 812 674 T3

Met	Gly	Tyr	Asp	Ile	Ala	Asn	Tyr	Glu	Lys	Val	Trp	Pro	Thr	Tyr	Gly	1	5	10	15
Thr	Asn	Glu	Asp	Cys	Phe	Ala	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	His	Lys	Leu	Gly	20	25	30	
Met	Lys	Phe	Ile	Thr	Asp	Leu	Val	Ile	Asn	His	Cys	Ser	Ser	Glu	His	35	40	45	
Glu	Trp	Phe	Lys	Glu	Ser	Arg	Ser	Ser	Lys	Thr	Asn	Pro	Lys	Arg	Asp	50	55	60	
Trp	Phe	Phe	Trp	Arg	Pro	Pro	Lys	Gly	Tyr	Asp	Ala	Glu	Gly	Lys	Pro	65	70	75	80
Ile	Pro	Pro	Asn	Asn	Trp	Lys	Ser	Tyr	Phe	Gly	Gly	Ser	Ala	Trp	Thr	85	90	95	
Phe	Asp	Glu	Lys	Thr	Gln	Glu	Phe	Tyr	Leu	Arg	Leu	Phe	Cys	Ser	Thr	100	105	110	
Gln	Pro	Asp	Leu	Asn	Trp	Glu	Asn	Glu	Asp	Cys	Arg	Lys	Ala	Ile	Tyr	115	120	125	
Glu	Ser	Ala	Val	Gly	Tyr	Trp	Leu	Asp	His	Gly	Val	Asp	Gly	Phe	Arg	130	135	140	
Ile	Asp	Val	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	Gly	Leu	Pro	Asp	Ala	145	150	155	160
Pro	Val	Val	Asp	Lys	Asn	Ser	Thr	Trp	Gln	Ser	Ser	Asp	Pro	Tyr	Thr	165	170	175	

ES 2 812 674 T3

Leu	Asn	Gly	Pro	Arg	Ile	His	Glu	Phe	His	Gln	Glu	Met	Asn	Gln	Phe	180	185	190
Ile	Arg	Asn	Arg	Val	Lys	Asp	Gly	Arg	Glu	Ile	Met	Thr	Val	Gly	Glu	195	200	205
Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Arg	Leu	Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser	210	215	220
Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	His	Thr	Asp	Val	Gly	225	230	235
Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	Phe	Glu	Leu	Lys	Asp	245	250	255
Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Tyr	Ile	Asn	Gly	Thr	Asp	260	265	270
Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	Gln	Pro	Arg	Ser	Ile	275	280	285
Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	Val	Ile	Ser	Gly	Lys	290	295	300
Leu	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Gly	Thr	Leu	Tyr	Val	Tyr	305	310	315
Gln	Gly	Gln	Glu	Leu	Gly	Gln	Ile	Asn	Phe	Lys	Asn	Trp	Pro	Val	Glu	325	330	335
Lys	Tyr	Glu	Asp	Val	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Tyr	Asn	Ala	Ile	Lys	Glu	340	345	350
Glu	His	Gly	Glu	Asn	Ser	Glu	Glu	Met	Lys	Lys	Phe	Leu	Glu	Gly	Ile	355	360	365
Ala	Leu	Val	Ser	Arg	Asp	His	Ala	Arg	Thr	Pro	Met	Pro	Trp	Thr	Pro	370	375	380
Asn	Glu	Pro	Asn	Ala	Gly	Phe	Ser	Gly	Pro	Asn	Thr	Lys	Pro	Trp	Phe	385	390	395
Tyr	Leu	Asn	Glu	Ser	Phe	Arg	Gln	Gly	Ile	Asn	Val	Glu	Glu	Glu	Gln	405	410	415
Lys	Asn	Ser	Asp	Ser	Val	Leu	Ala	Phe	Trp	Lys	Lys	Ala	Leu	Glu	Phe	420	425	430

ES 2 812 674 T3

Arg Lys Asn His Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Phe Asp Phe Lys Phe
435 440 445

Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe Thr Lys Arg Tyr Asn
450 455 460

Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser Ser Asp Ala Thr Asp
465 470 475 480

Phe Lys Ile Pro Asn Asp Gly Ser Ser Phe Lys Leu Glu Phe Gly Asn
485 490 495

Tyr Pro Lys Asn Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg Thr Leu Lys Pro Trp
500 505 510

Glu Gly Arg Ile His Ile Asn Glu
515 520

<210> 2

5 <211> 520

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 4

<400> 2

10

ES 2 812 674 T3

Met Gly Tyr Asp Ile Ala Asn Tyr Glu Lys Val Trp Pro Thr Tyr Gly
1 5 10 15

Thr Asn Glu Asp Cys Phe Ala Leu Ile Glu Lys Thr His Lys Leu Gly
20 25 30

Met Lys Phe Ile Thr Asp Leu Val Ile Asn His Cys Ser Ser Glu His
35 40 45

Glu Trp Phe Lys Glu Ser Arg Ser Ser Lys Thr Asn Pro Lys Arg Asp
50 55 60

Trp Phe Phe Trp Arg Pro Pro Lys Gly Tyr Asp Ala Glu Gly Lys Pro
65 70 75 80

Ile Pro Pro Asn Asn Trp Lys Ser Tyr Phe Gly Gly Ser Ala Trp Thr
85 90 95

Phe Asp Glu Lys Thr Gln Glu Phe Tyr Leu Arg Leu Phe Cys Ser Thr
100 105 110

Gln Pro Asp Leu Asn Trp Glu Asn Glu Asp Cys Arg Lys Ala Ile Tyr
115 120 125

ES 2 812 674 T3

Glu	Ser	Ala	Val	Gly	Tyr	Trp	Leu	Asp	His	Gly	Val	Asp	Gly	Phe	Arg		
130						135					140						
Ile	Asp	Val	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	Gly	Leu	Pro	Asp	Ala		
145					150					155					160		
Pro	Val	Val	Asp	Lys	Asn	Ser	Thr	Trp	Gln	Ser	Ser	Asp	Pro	Tyr	Thr		
				165					170					175			
Leu	Asn	Gly	Pro	Arg	Ile	His	Glu	Phe	His	Gln	Glu	Met	Asn	Gln	Phe		
			180					185					190				
Ile	Arg	Asn	Arg	Val	Lys	Asp	Gly	Arg	Glu	Ile	Met	Thr	Val	Gly	Glu		
		195					200					205					
Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Arg	Leu	Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser		
	210					215					220						
Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	His	Thr	Asp	Val	Gly		
225					230					235					240		
Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	Phe	Glu	Leu	Lys	Asp		
				245					250					255			
Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Tyr	Ile	Asn	Gly	Thr	Asp		
			260					265					270				
Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	Gln	Pro	Arg	Ser	Ile		
		275					280					285					
Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	Val	Ile	Ser	Gly	Lys		
	290					295					300						
Leu	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Gly	Thr	Leu	Tyr	Val	Tyr		
305					310					315					320		
Gln	Gly	Gln	Glu	Leu	Gly	Gln	Ile	Asn	Phe	Lys	Asn	Trp	Pro	Val	Glu		
				325					330					335			
Lys	Tyr	Glu	Asp	Val	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Tyr	Asn	Ala	Ile	Lys	Glu		
			340					345					350				
Glu	His	Gly	Glu	Asn	Ser	Glu	Glu	Met	Lys	Lys	Phe	Leu	Glu	Gly	Ile		
		355					360					365					
Ala	Leu	Val	Ser	Arg	Asp	His	Ala	Arg	Thr	Pro	Met	Pro	Trp	Thr	Pro		
	370					375					380						

Asn Glu Pro Asn Ala Gly Phe Ser Gly Pro Asn Thr Lys Pro Trp Phe
385 390 395 400

Tyr Leu Asn Glu Ser Phe Arg Gln Gly Ile Asn Val Glu Glu Glu Gln
405 410 415

Lys Asn Ser Asp Ser Val Leu Ala Phe Trp Lys Lys Ala Leu Glu Phe
420 425 430

Arg Lys Asn His Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Phe Asp Phe Lys Phe
435 440 445

Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe Thr Lys Arg Tyr Asn
450 455 460

Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser Ser Asp Ala Thr Asp
465 470 475 480

Phe Lys Ile Pro Asn Asp Gly Ser Ser Phe Lys Leu Glu Phe Gly Asn
485 490 495

Tyr Pro Lys Asn Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg Thr Leu Lys Pro Trp
500 505 510

Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Asn Glu
515 520

<210> 3

5 <211> 520

<212> PRT

<213> Levadura híbrida_4

<400> 3

10

ES 2 812 674 T3

Met Gly Tyr Asp Ile Ala Asn Tyr Glu Lys Val Trp Pro Thr Tyr Gly
1 5 10 15

Thr Asn Glu Asp Cys Phe Ala Leu Ile Glu Lys Thr His Lys Leu Gly
20 25 30

Met Lys Phe Ile Thr Asp Leu Val Ile Asn His Cys Ser Ser Glu His
35 40 45

Glu Trp Phe Lys Glu Ser Arg Ser Ser Lys Thr Asn Pro Lys Arg Asp
50 55 60

Trp Phe Phe Trp Arg Pro Pro Lys Gly Tyr Asp Ala Glu Gly Lys Pro
65 70 75 80

ES 2 812 674 T3

Ile	Pro	Pro	Asn	Asn	Trp	Lys	Ser	Tyr	Phe	Gly	Gly	Ser	Ala	Trp	Thr	85	90	95	
Phe	Asp	Glu	Lys	Thr	Gln	Glu	Phe	Tyr	Leu	Arg	Leu	Phe	Cys	Ser	Thr	100	105	110	
Gln	Pro	Asp	Leu	Asn	Trp	Glu	Asn	Glu	Asp	Cys	Arg	Lys	Ala	Ile	Tyr	115	120	125	
Glu	Ser	Ala	Val	Gly	Tyr	Trp	Leu	Asp	His	Gly	Val	Asp	Gly	Phe	Arg	130	135	140	
Ile	Asp	Val	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	Gly	Leu	Pro	Asp	Ala	145	150	155	160
Pro	Val	Val	Asp	Lys	Asn	Ser	Thr	Trp	Gln	Ser	Ser	Asp	Pro	Tyr	Thr	165	170	175	
Leu	Asn	Gly	Pro	Arg	Ile	His	Glu	Phe	His	Gln	Glu	Met	Asn	Gln	Phe	180	185	190	
Ile	Arg	Asn	Arg	Val	Lys	Asp	Gly	Arg	Glu	Ile	Met	Thr	Val	Gly	Glu	195	200	205	
Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Arg	Leu	Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser	210	215	220	
Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	His	Thr	Asp	Val	Gly	225	230	235	240
Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	Phe	Glu	Leu	Lys	Asp	245	250	255	
Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Phe	Ile	Asn	Gly	Thr	Asp	260	265	270	
Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	Gln	Pro	Arg	Ser	Ile	275	280	285	
Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	Val	Ile	Ser	Gly	Lys	290	295	300	
Leu	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Gly	Thr	Leu	Tyr	Val	Tyr	305	310	315	320
Gln	Gly	Gln	Glu	Leu	Gly	Gln	Ile	Asn	Phe	Lys	Asn	Trp	Ser	Val	Glu				

325								330				335			
Lys	Tyr	Glu	Asp	Val	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Tyr	Arg	Leu	Ile	Lys	Glu
			340					345					350		
Glu	Cys	Gly	Glu	Asn	Ser	Glu	Glu	Met	Lys	Lys	Phe	Leu	Glu	Gly	Ile
		355					360					365			
Ala	Leu	Val	Ser	Arg	Asp	His	Ala	Arg	Thr	Pro	Met	Pro	Trp	Thr	Pro
	370					375					380				
Asn	Glu	Pro	Asn	Ala	Gly	Phe	Ser	Gly	Pro	Asn	Thr	Lys	Pro	Trp	Phe
385					390					395					400
Tyr	Leu	Asn	Glu	Ser	Phe	Arg	Gln	Gly	Ile	Asn	Val	Glu	Glu	Glu	Gln
				405					410					415	
Lys	Asn	Ser	Asp	Ser	Val	Leu	Ala	Phe	Trp	Lys	Lys	Ala	Leu	Glu	Phe
			420					425					430		
Arg	Lys	Asn	His	Lys	Asp	Ile	Ala	Val	Tyr	Gly	Phe	Asp	Phe	Lys	Phe
		435					440					445			
Ile	Asp	Leu	Asp	Asn	Lys	Lys	Leu	Phe	Ser	Phe	Thr	Lys	Arg	Tyr	Asn
	450					455					460				
Asn	Lys	Thr	Leu	Phe	Ala	Ala	Leu	Asn	Phe	Ser	Ser	Asp	Ala	Thr	Asp
465					470				475						480
Phe	Lys	Ile	Pro	Asn	Asp	Gly	Ser	Ser	Phe	Lys	Leu	Glu	Phe	Gly	Asn
				485				490						495	
Tyr	Pro	Lys	Asn	Glu	Val	Asp	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Leu	Lys	Pro	Trp
			500					505					510		
Glu	Gly	Arg	Ile	His	Ile	Asn	Glu								
		515					520								

<210> 4

5 $\langle 211 \rangle$ 520

<212> PRT

<213> Levadura h brida 7

<400> 4

ES 2 812 674 T3

Met Gly Tyr Asp Ile Ala Asn Tyr Glu Lys Val Trp Pro Thr Tyr Gly
1 5 10 15

Thr Asn Glu Asp Cys Phe Ala Leu Ile Glu Lys Thr His Lys Leu Gly

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Cys Trp Ser Thr Ile Tyr Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Ser Ile
 275 280 285
 Thr Arg Phe Gly Asp Asp Ser Pro Lys Asn Arg Val Ile Ser Gly Lys
 290 295 300
 Leu Leu Ser Val Leu Leu Ser Ala Leu Thr Gly Thr Leu Tyr Val Tyr
 305 310 315 320
 Gln Gly Gln Glu Leu Gly Gln Ile Asn Phe Lys Asn Trp Pro Val Glu
 325 330 335
 Lys Tyr Glu Asp Val Glu Ile Arg Asn Asn Tyr Asn Ala Ile Lys Glu
 340 345 350
 Glu His Gly Glu Asn Ser Glu Glu Met Lys Lys Phe Leu Glu Gly Ile
 355 360 365
 Ala Leu Val Ser Arg Asp His Ala Arg Thr Pro Met Pro Trp Thr Pro
 370 375 380
 Asn Glu Pro Asn Ala Gly Phe Ser Gly Pro Asn Thr Lys Pro Trp Phe
 385 390 395 400
 Tyr Leu Asn Glu Ser Phe Arg Gln Gly Ile Asn Val Glu Glu Glu Gln
 405 410 415
 Lys Asn Ser Asp Ser Val Leu Ala Phe Trp Lys Lys Ala Leu Glu Phe
 420 425 430
 Arg Lys Asn His Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Phe Asp Phe Lys Phe
 435 440 445
 Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe Thr Lys Arg Tyr Asn
 450 455 460
 Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser Ser Asp Ala Thr Asp
 465 470 475 480
 Phe Lys Ile Pro Asn Asp Gly Ser Ser Phe Lys Leu Glu Phe Gly Asn
 485 490 495
 Tyr Pro Lys Asn Glu Val Asp Val Ser Ser Arg Thr Leu Lys Pro Trp
 500 505 510
 Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Asn Glu
 515 520

<210> 5
<211> 520
<212> PRT
5 <213> Levadura híbrida_7

<400> 5

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Phe Lys Ile Pro Asn Asp Gly Ser Ser Phe Lys Leu Glu Phe Gly Asn
 485 490 495

Tyr Pro Lys Asn Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg Thr Leu Lys Pro Trp
 500 505 510

Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Asn Glu
 515 520

<210> 6

5 <211> 543

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 6

10

ES 2 812 674 T3

Met	Ser	Ala	Asp	Ala	Ser	Thr	Asn	Ser	Asn	Ala	Ser	Leu	Asp	Glu	Lys	1	5	10	15
Asn	Leu	Asn	Ile	Thr	Ser	Glu	Ala	Glu	Ile	Lys	Asn	Glu	Asp	Val	Thr	20	25	30	
Ala	Glu	Pro	Val	Leu	Ser	Thr	Val	Leu	Ser	Pro	Asn	Gly	Lys	Ile	Val	35	40	45	
Tyr	Ile	Ser	Asp	Lys	Val	Asp	Glu	Ala	Met	Lys	Leu	Ala	Glu	Glu	Ala	50	55	60	
Lys	Glu	Ile	Glu	Val	Thr	Pro	Glu	Glu	Asp	Arg	Lys	Leu	Arg	Trp	Lys	65	70	75	80
Ile	Asp	Tyr	Cys	Met	Phe	Pro	Leu	Met	Cys	Ile	Leu	Tyr	Ala	Val	Gln	85	90	95	
Phe	Met	Asp	Lys	Ile	Ser	Thr	Ser	Ser	Ala	Ala	Val	Met	Gly	Leu	Arg	100	105	110	
Thr	Asp	Leu	Lys	Met	His	Gly	Asp	Gln	Tyr	Ser	Trp	Val	Thr	Ser	Ala	115	120	125	
Phe	Tyr	Phe	Gly	Tyr	Leu	Phe	Met	Asn	Leu	Gly	Pro	Val	Gln	Phe	Ile	130	135	140	
Phe	Gln	Arg	Thr	Ser	His	Met	Ser	Lys	Met	Leu	Ala	Val	Phe	Ile	Val	145	150	155	160
Ile	Trp	Gly	Met	Leu	Leu	Ala	Leu	His	Ala	Ala	Pro	Thr	Val	Lys	Tyr	165	170	175	

ES 2 812 674 T3

Pro Ser Phe Ile Val Leu Arg Val Leu Leu Gly Cys Ala Glu Ser Val
 180 185 190
 Val Thr Pro Cys Phe Thr Ile Ile Thr Ala Gln Tyr Trp Lys Thr Glu
 195 200 205
 Glu Gln Phe Thr Arg Val Ser Ile Trp Phe Gly Met Asn Gly Leu Gly
 210 215 220
 Ser Ile Leu Ile Asn Ala Ile Ala Tyr Gly Val Tyr Ile His Gln Asp
 225 230 235 240
 Ser Tyr Ala Ile Lys Gly Trp Arg Thr Leu Phe Val Ile Thr Gly Val
 245 250 255
 Ile Thr Ile Phe Ile Gly Ile Leu Ile Phe Leu Trp Ile Pro Asp Asp
 260 265 270
 Pro Ser Lys Ala Arg Phe Leu Ser Lys Arg Glu Lys Leu Met Val Val
 275 280 285
 Gln Arg Ile Arg Ser Asn Gln Gln Gly Phe Gly Asn His Glu Ile Lys
 290 295 300
 Lys Tyr Gln Ile Ile Glu Ala Leu Lys Asp Val Arg Thr Trp Leu Tyr
 305 310 315 320
 Phe Leu Phe Thr Val Ser Ser Asn Ile Pro Asn Gly Gly Ile Ser Ser
 325 330 335
 Phe Met Ser Ile Leu Leu Asn Ser Asp Phe Gly Tyr Ser Ser Lys Glu
 340 345 350
 Thr Leu Leu Met Gly Leu Pro Thr Gly Ala Val Glu Leu Val Gly Cys
 355 360 365
 Pro Leu Phe Gly Ile Leu Ala Val Tyr Ala Ala Asn Lys Lys Ile Pro
 370 375 380
 Phe Trp Lys Tyr Lys Leu Ser Trp Ala Ile Phe Ala Ala Val Leu Ala
 385 390 395 400
 Leu Ile Ala Ser Cys Met Leu Gly Phe Ala Thr Asn Ser Lys Lys Ala
 405 410 415
 Arg Leu Ala Gly Ala Tyr Leu Trp Tyr Ile Ser Pro Val Ser Phe Ile

ES 2 812 674 T3

	420		425		430										
Cys	Val	Leu	Ser	Asn	Ile	Ser	Ala	Asn	Ser	Ser	Gly	Tyr	Ser	Lys	Lys
		435					440					445			
Trp	Thr	Val	Ser	Ser	Ile	Asn	Leu	Val	Ala	Tyr	Ala	Ala	Ala	Asn	Leu
	450					455					460				
Ala	Gly	Pro	Gln	Thr	Phe	Ile	Ala	Lys	Gln	Ala	Pro	Lys	Tyr	His	Gly
465					470					475					480
Ala	Lys	Val	Ala	Met	Val	Val	Cys	Tyr	Ala	Val	Met	Ile	Val	Leu	Leu
				485					490					495	
Ser	Ile	Leu	Leu	Ile	Val	Asn	Leu	Arg	Glu	Asn	Lys	Arg	Arg	Asp	Lys
		500						505					510		
Ile	Ala	Ala	Glu	Arg	Gly	Phe	Pro	Glu	Glu	Thr	Glu	Asn	Leu	Glu	Phe
	515						520					525			
Ser	Asp	Leu	Thr	Asp	Phe	Glu	Asn	Pro	Asn	Phe	Arg	Tyr	Thr	Leu	
	530					535					540				

<210> 7

5 <211> 601

<212> PRT

<213> S. cerevisiae

<220>

10 <221> misc_feature

<222> (426)..(426)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido de origen natural

15 <400> 7

ES 2 812 674 T3

Met Leu Asn His Pro Ser Gln Gly Ser Asp Asp Ala Gln Asp Glu Lys
1 5 10 15

Gln Gly Asp Phe Pro Val Ile Glu Glu Glu Lys Thr Gln Ala Val Met
20 25 30

Leu Lys Asp Ser Tyr Val Ser Asp Asp Val Ala Asn Ser Thr Glu Arg
35 40 45

Tyr Asn Leu Ser Pro Ser Pro Glu Asp Glu Asp Phe Glu Ala Pro Thr
50 55 60

Glu Glu Glu Met Gln Thr Leu Arg His Val Gly Gly Lys Ile Pro Met
65 70 75 80

ES 2 812 674 T3

Arg	Cys	Trp	Leu	Ile	Ala	Ile	Val	Glu	Leu	Ser	Glu	Arg	Phe	Ser	Tyr	85	90	95
Tyr	Gly	Leu	Ser	Ala	Pro	Phe	Gln	Asn	Tyr	Met	Glu	Tyr	Gly	Pro	Asn	100	105	110
Asp	Ser	Pro	Lys	Gly	Val	Leu	Ser	Leu	Asn	Ser	Gln	Gly	Ala	Thr	Gly	115	120	125
Leu	Ser	Tyr	Phe	Phe	Gln	Phe	Trp	Cys	Tyr	Val	Thr	Pro	Val	Phe	Gly	130	135	140
Gly	Tyr	Val	Ala	Asp	Thr	Phe	Trp	Gly	Lys	Tyr	Asn	Thr	Ile	Cys	Cys	145	150	155
Gly	Thr	Ala	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	Ile	Phe	Ile	Leu	Phe	Ile	Thr	Ser	165	170	175
Ile	Pro	Ser	Val	Gly	Asn	Arg	Asp	Ser	Ala	Ile	Gly	Gly	Phe	Ile	Ala	180	185	190
Ala	Ile	Ile	Leu	Ile	Gly	Ile	Ala	Thr	Gly	Met	Ile	Lys	Ala	Asn	Leu	195	200	205
Ser	Val	Leu	Ile	Ala	Asp	Gln	Leu	Pro	Lys	Arg	Lys	Pro	Ser	Ile	Lys	210	215	220
Val	Leu	Lys	Ser	Gly	Glu	Arg	Val	Ile	Val	Asp	Ser	Asn	Ile	Thr	Leu	225	230	235
Gln	Asn	Val	Phe	Met	Phe	Phe	Tyr	Phe	Met	Ile	Asn	Val	Gly	Ser	Leu	245	250	255
Ser	Leu	Met	Ala	Thr	Thr	Glu	Leu	Glu	Tyr	His	Lys	Gly	Phe	Trp	Ala	260	265	270
Ala	Tyr	Leu	Leu	Pro	Phe	Cys	Phe	Phe	Trp	Ile	Ala	Val	Val	Thr	Leu	275	280	285
Ile	Phe	Gly	Lys	Lys	Gln	Tyr	Ile	Gln	Arg	Pro	Ile	Gly	Asp	Lys	Val	290	295	300
Ile	Ala	Lys	Ser	Phe	Lys	Val	Cys	Trp	Ile	Leu	Thr	Lys	Asn	Lys	Phe	305	310	315
Asp	Phe	Asn	Ala	Ala	Lys	Pro	Ser	Val	His	Pro	Glu	Lys	Asn	Tyr	Pro	325	330	335

ES 2 812 674 T3

Trp Asn Asp Lys Phe Val Asp Glu Ile Lys Arg Ala Leu Ala Ala Cys
 340 345 350
 Lys Val Phe Ile Phe Tyr Pro Ile Tyr Trp Thr Gln Tyr Gly Thr Met
 355 360 365
 Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Ala Ser Met Met Glu Leu His Gly Ile
 370 375 380
 Pro Asn Asp Phe Leu Gln Ala Phe Asp Ser Ile Ala Leu Ile Ile Phe
 385 390 395 400
 Ile Pro Ile Phe Glu Lys Phe Val Tyr Pro Phe Ile Arg Arg Tyr Thr
 405 410 415
 Pro Leu Lys Pro Ile Thr Lys Ile Phe Xaa Gly Phe Met Phe Gly Ser
 420 425 430
 Phe Ala Met Thr Trp Ala Ala Val Leu Gln Ser Phe Val Tyr Lys Ala
 435 440 445
 Gly Pro Trp Tyr Asn Glu Pro Leu Gly His Asn Thr Pro Asn His Val
 450 455 460
 His Val Cys Trp Gln Ile Pro Ala Tyr Val Leu Ile Ser Phe Ser Glu
 465 470 475 480
 Ile Phe Ala Ser Ile Thr Gly Leu Glu Tyr Ala Tyr Ser Lys Ala Pro
 485 490 495
 Ala Ser Met Lys Ser Phe Ile Met Ser Ile Phe Leu Leu Thr Asn Ala
 500 505 510
 Phe Gly Ser Ala Ile Gly Cys Ala Leu Ser Pro Val Thr Val Asp Pro
 515 520 525
 Lys Phe Thr Trp Leu Phe Thr Gly Leu Ala Val Ala Cys Phe Ile Ser
 530 535 540
 Gly Cys Leu Phe Trp Leu Cys Phe Arg Lys Tyr Asn Asp Thr Glu Glu
 545 550 555 560
 Glu Met Asn Ala Met Asp Tyr Glu Glu Glu Asn Glu Phe Asp Leu Asn
 565 570 575
 Pro Ile Ser Ala Pro Lys Ala Asn Asp Ile Glu Ile Leu Glu Pro Met

ES 2 812 674 T3

580

585

590

Asp Ser Leu Arg Ser Thr Ala Lys Tyr
595 600

<210> 8

5 <211> 601

<212> PRT

<213> S. pastorianus

<400> 8

10

ES 2 812 674 T3

Met	Leu	Asn	His	Pro	Ser	Gln	Gly	Ser	Asp	Asp	Ala	Gln	Asp	Glu	Lys	1	5	10	15
Gln	Gly	Asp	Phe	Pro	Val	Ile	Glu	Glu	Glu	Lys	Thr	Gln	Ala	Val	Thr	20	25	30	
Leu	Lys	Asp	Ser	Tyr	Val	Ser	Asp	Asp	Val	Ala	Asn	Ser	Thr	Glu	Arg	35	40	45	
Tyr	Asn	Leu	Ser	Pro	Ser	Pro	Glu	Asp	Glu	Asp	Phe	Glu	Ala	Pro	Thr	50	55	60	
Glu	Glu	Glu	Met	Gln	Thr	Leu	Arg	His	Val	Gly	Gly	Lys	Ile	Pro	Met	65	70	75	80
Arg	Cys	Trp	Leu	Ile	Ala	Ile	Val	Glu	Leu	Ser	Glu	Arg	Phe	Ser	Tyr	85	90	95	
Tyr	Gly	Leu	Ser	Ala	Pro	Phe	Gln	Asn	Tyr	Met	Glu	Tyr	Gly	Pro	Asn	100	105	110	
Asp	Ser	Pro	Lys	Gly	Val	Leu	Ser	Leu	Asn	Ser	Gln	Gly	Ala	Thr	Gly	115	120	125	
Leu	Ser	Tyr	Phe	Phe	Gln	Phe	Trp	Cys	Tyr	Val	Thr	Pro	Val	Phe	Gly	130	135	140	
Gly	Tyr	Val	Ala	Asp	Thr	Phe	Trp	Gly	Lys	Tyr	Asn	Thr	Ile	Cys	Cys	145	150	155	160
Gly	Thr	Ala	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	Ile	Phe	Ile	Leu	Phe	Ile	Thr	Ser	165	170	175	
Ile	Pro	Ser	Val	Gly	Asn	Arg	Asp	Ser	Ala	Ile	Gly	Gly	Phe	Ile	Ala	180	185	190	
Ala	Ile	Ile	Leu	Ile	Gly	Ile	Ala	Thr	Gly	Met	Ile	Lys	Ala	Asn	Leu				

ES 2 812 674 T3

195	200	205
Ser Val Leu Ile Ala Asp Gln Leu Pro Lys Arg Lys Pro Ser Ile Lys		
210	215	220
Val Leu Lys Ser Gly Glu Arg Val Ile Val Asp Ser Asn Ile Thr Leu		
225	230	235 240
Gln Asn Val Phe Met Phe Phe Tyr Phe Met Ile Asn Val Gly Ser Leu		
	245	250 255
Ser Leu Met Ala Thr Thr Glu Leu Glu Tyr His Lys Gly Phe Trp Ala		
	260	265 270
Ala Tyr Leu Leu Pro Phe Cys Phe Phe Trp Ile Ala Val Val Thr Leu		
	275	280 285
Ile Phe Gly Lys Lys Gln Tyr Ile Gln Arg Pro Val Gly Asp Lys Val		
	290	295 300
Ile Ala Lys Ser Phe Lys Val Cys Trp Ile Leu Thr Lys Asn Lys Phe		
305	310	315 320
Asp Phe Asn Ala Ala Lys Pro Ser Val His Pro Glu Lys Asn Tyr Pro		
	325	330 335
Trp Asn Asp Lys Phe Val Asp Glu Ile Lys Arg Ala Leu Ala Ala Cys		
	340	345 350
Lys Val Phe Ile Phe Tyr Pro Ile Tyr Trp Thr Gln Tyr Gly Thr Met		
	355	360 365
Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Ala Ser Met Met Glu Leu His Gly Ile		
	370	375 380
Pro Asn Asp Phe Leu Gln Ala Phe Asp Ser Ile Ala Leu Ile Ile Phe		
385	390	395 400
Ile Pro Ile Phe Glu Lys Phe Val Tyr Pro Phe Ile Arg Arg Tyr Thr		
	405	410 415
Pro Leu Lys Pro Ile Thr Lys Ile Phe Phe Gly Phe Met Phe Gly Ser		
	420	425 430
Phe Ala Met Thr Trp Ala Ala Val Leu Gln Ser Phe Val Tyr Lys Ala		
	435	440 445

Gly Pro Trp Tyr Asn Glu Pro Leu Gly His Asn Thr Pro Asn His Val
450 455 460

His Val Cys Trp Gln Ile Pro Ala Tyr Val Leu Ile Ser Phe Ser Glu
465 470 475 480

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

Ala Ser Met Lys Ser Phe Ile Met Ser Ile Phe Leu Leu Thr Asn Ala
500 505 510

Phe Gly Ser Ala Ile Gly Cys Ala Leu Ser Pro Val Thr Val Asp Pro
515 520 525

Lys Phe Thr Trp Leu Phe Thr Gly Leu Ala Val Ala Cys Phe Ile Ser
530 535 540

Gly Cys Leu Phe Trp Leu Cys Phe Arg Lys Tyr Asn Asp Thr Glu Glu
545 550 555 560

Glu Met Asn Ala Met Asp Tyr Glu Glu Glu Asp Glu Phe Asp Leu Asn
565 570 575

Pro Ile Ser Ala Pro Lys Ala Asn Asp Ile Glu Ile Leu Glu Pro Met
580 585 590

Glu Ser Leu Arg Ser Thr Thr Lys Tyr
595 600

<210> 9

5 <211> 601

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 9

10

ES 2 812 674 T3

Met Leu Asn His Leu Ser Gln Gly Ser Asp Asp Ile Gln Asp Glu Lys
1 5 10 15

Gln Gly Asp Phe Pro Val Ile Glu Glu Glu Lys Asn Gln Thr Val Thr
20 25 30

Leu Lys Asp Ser Tyr Val Ser Asp Asp Ala Ala Asn Ser Thr Glu His
35 40 45

Tyr Asn Leu Ser Pro Ser Leu Glu Glu Asp Glu Phe Glu Ala Pro Thr
50 55 60

ES 2 812 674 T3

Asp	Glu	Glu	Leu	Arg	Ser	Leu	Arg	His	Val	Gly	Gly	Lys	Ile	Pro	Met	65	70	75	80
Arg	Cys	Trp	Leu	Ile	Ala	Ile	Val	Glu	Leu	Ser	Glu	Arg	Phe	Ser	Tyr	85	90	95	
Tyr	Gly	Leu	Ser	Ala	Pro	Phe	Gln	Asn	Tyr	Met	Glu	Tyr	Gly	Pro	Lys	100	105	110	
Asp	Thr	Pro	Lys	Gly	Val	Leu	Ser	Leu	Asn	Ser	Gln	Gly	Ala	Thr	Gly	115	120	125	
Leu	Ser	Tyr	Phe	Phe	Gln	Phe	Trp	Cys	Tyr	Val	Thr	Pro	Val	Phe	Gly	130	135	140	
Gly	Tyr	Val	Ala	Asp	Thr	Phe	Trp	Gly	Lys	Tyr	Asn	Thr	Ile	Cys	Cys	145	150	155	160
Gly	Thr	Ala	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	Ile	Phe	Ile	Leu	Leu	Ile	Thr	Ser	165	170	175	
Ile	Pro	Ser	Val	Gly	Asn	Arg	Asp	Ser	Ala	Leu	Gly	Gly	Phe	Ile	Ala	180	185	190	
Ser	Ile	Ile	Leu	Ile	Gly	Ile	Ala	Thr	Gly	Met	Ile	Lys	Ala	Asn	Leu	195	200	205	
Ser	Val	Leu	Ile	Ala	Asp	Gln	Leu	Pro	Lys	Arg	Lys	Pro	Ser	Ile	Lys	210	215	220	
Val	Leu	Lys	Ser	Gly	Glu	Arg	Val	Ile	Val	Asp	Ser	Asn	Ile	Thr	Leu	225	230	235	240
Gln	Asn	Val	Phe	Met	Phe	Phe	Tyr	Phe	Met	Ile	Asn	Val	Gly	Ser	Leu	245	250	255	
Ser	Leu	Met	Ala	Thr	Thr	Glu	Leu	Glu	Tyr	His	Lys	Gly	Phe	Trp	Ala	260	265	270	
Ala	Tyr	Leu	Leu	Pro	Phe	Cys	Phe	Phe	Trp	Val	Ala	Val	Val	Thr	Leu	275	280	285	
Val	Phe	Gly	Lys	Lys	Gln	Tyr	Ile	Gln	Arg	Pro	Ile	Gly	Asp	Lys	Val	290	295	300	
Ile	Ala	Lys	Ser	Phe	Arg	Val	Cys	Trp	Ile	Leu	Thr	Lys	Asn	Lys	Phe	305	310	315	320

ES 2 812 674 T3

Asp Phe Asn Ala Ala Lys Pro Ser Val His Pro Glu Lys Glu Tyr Pro
 325 330 335
 Trp Asn Asp Lys Phe Val Asp Glu Ile Lys Arg Ala Leu Ala Ala Cys
 340 345 350
 Lys Val Phe Val Phe Tyr Pro Ile Tyr Trp Thr Gln Tyr Gly Thr Met
 355 360 365
 Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Ala Gly Met Met Glu Leu His Gly Ile
 370 375 380
 Pro Asn Asp Phe Leu Gln Ala Phe Asp Ser Ile Ala Leu Ile Ile Phe
 385 390 395 400
 Ile Pro Ile Phe Glu Lys Phe Ile Tyr Pro Phe Ile Arg Arg Tyr Thr
 405 410 415
 Pro Phe Lys Pro Ile Thr Lys Ile Phe Phe Gly Phe Met Phe Gly Ser
 420 425 430
 Leu Ala Met Thr Trp Ala Ala Val Leu Gln Ser Phe Val Tyr Lys Ala
 435 440 445
 Gly Pro Trp Tyr Ser Ala Pro Leu Gly His Asn Thr Pro Asn His Val
 450 455 460
 His Val Cys Trp Gln Ile Pro Ala Tyr Val Leu Ile Ser Phe Ser Glu
 465 470 475 480
 Ile Phe Ala Ser Ile Thr Gly Leu Glu Tyr Ala Tyr Ser Lys Ala Pro
 485 490 495
 Ala Ser Met Lys Ser Phe Ile Met Ser Ile Phe Leu Leu Thr Asn Ala
 500 505 510
 Phe Gly Ser Ala Ile Gly Cys Ala Leu Ser Pro Val Thr Val Asp Pro
 515 520 525
 Lys Phe Thr Trp Leu Phe Thr Gly Leu Ala Val Ala Cys Phe Ile Ser
 530 535 540
 Gly Cys Leu Phe Trp Phe Cys Phe Arg Lys Tyr Asn Asp Thr Glu Glu
 545 550 555 560
 Glu Met Asn Ala Met Asp Tyr Glu Glu Glu Asp Glu Phe Asp Leu Asn
 565 570 575

ES 2 812 674 T3

Pro Ile Ser Gln Pro Lys Gly Asn Asp Ile Glu Ile Leu Glu Pro Met
580 585 590

Gly Ser Leu Lys Ser Thr Thr Lys Tyr
595 600

<210> 10

5 <211> 399

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 10

10

ES 2 812 674 T3

Phe	Lys	Glu	Phe	Cys	Lys	Val	Glu	Gly	Gly	Val	Leu	Ile	Trp	Gln	Arg		
1				5					10					15			
Val	Gln	Lys	Ser	Asn	Leu	Thr	Lys	Ser	Tyr	Ser	Ile	Ser	Phe	Lys	Gln		
			20					25					30				
Gly	Leu	Tyr	Thr	Val	Glu	Thr	Leu	Leu	Ser	Lys	Val	His	Asp	Pro	Asn		
		35					40					45					
Ile	Pro	Leu	Arg	Pro	Lys	Glu	Ile	Ile	Ser	Leu	Leu	Thr	Leu	Cys	Lys		
	50					55					60						
Leu	Phe	Asn	Gly	Ala	Trp	Lys	Ile	Lys	Arg	Lys	Glu	Gly	Glu	His	Val		
65					70				75						80		
Leu	His	Glu	Asp	Gln	Asn	Phe	Ile	Ser	Tyr	Leu	Glu	Tyr	Thr	Thr	Ser		
				85					90					95			
Ile	Tyr	Ser	Ile	Ile	Gln	Thr	Ala	Glu	Lys	Val	Ser	Glu	Lys	Ser	Lys		
			100					105					110				
Asp	Ser	Ile	Asp	Ser	Lys	Leu	Phe	Leu	Asn	Ala	Ile	Arg	Ile	Ile	Ser		
		115					120					125					
Ser	Phe	Leu	Gly	Asn	Arg	Ser	Leu	Thr	Tyr	Lys	Leu	Ile	Tyr	Asp	Ser		
	130					135					140						
His	Glu	Val	Ile	Lys	Phe	Ser	Val	Ser	His	Glu	Arg	Val	Ala	Phe	Met		
145					150					155					160		
Asn	Pro	Leu	Gln	Thr	Met	Leu	Ser	Phe	Leu	Ile	Glu	Lys	Val	Ser	Leu		
				165					170					175			
Lys	Asp	Ala	Tyr	Glu	Ala	Leu	Glu	Asp	Cys	Ser	Asp	Phe	Leu	Lys	Ile		
		180						185					190				

ES 2 812 674 T3

Ser Asp Phe Ser Leu Arg Ser Val Val Leu Cys Ser Gln Ile Asp Val
195 200 205

Gly Phe Trp Val Arg Asn Gly Met Ser Val Leu His Gln Ala Ser Tyr
210 215 220

Tyr Lys Asn Asn Pro Glu Leu Gly Ser Tyr Ser Arg Asp Ile His Leu
225 230 235 240

Asn Gln Leu Ala Ile Leu Trp Glu Arg Asp Asp Ile Pro Arg Ile Ile
245 250 255

Tyr Asn Ile Leu Asp Arg Trp Glu Leu Leu Asp Trp Phe Thr Gly Glu
260 265 270

Val Asp Tyr Gln His Thr Val Tyr Glu Asp Lys Ile Ser Phe Ile Ile
275 280 285

Gln Gln Phe Ile Ala Phe Ile Tyr Gln Ile Leu Thr Glu Arg Gln Tyr
290 295 300

Phe Lys Thr Phe Ser Ser Leu Lys Asp Arg Arg Met Asp Gln Ile Lys
305 310 315 320

Asn Ser Ile Ile Tyr Asn Leu Tyr Met Lys Pro Leu Ser Tyr Ser Lys
325 330 335

Leu Leu Arg Ser Val Pro Asp Tyr Leu Thr Glu Asp Thr Thr Glu Phe
340 345 350

Asp Glu Ala Leu Glu Glu Val Ser Val Phe Val Glu Pro Lys Gly Leu
355 360 365

Ala Asp Asn Gly Val Phe Lys Leu Lys Ala Ser Leu Tyr Ala Lys Val
370 375 380

Asp Pro Leu Lys Leu Leu Asn Leu Glu Asn Glu Phe Glu Ser Ser
385 390 395

<210> 11

<211> 1950

5 <212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 11

ES 2 812 674 T3

Met	Ser	Phe	Thr	Asp	Asn	Gly	Leu	Gly	Ser	Leu	Lys	Ala	His	Ile	Arg
1				5					10					15	

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

260										265					270				
Asn	Asp	Leu	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Tyr	Met	Phe	Asp	Gly	Thr	Thr	Thr				
		275						280				285							
Ala	Lys	Thr	Ser	Pro	Ser	Asn	Ser	Pro	Glu	Ala	Ser	Pro	Ser	Leu	Ala				
	290							295				300							
Lys	Ile	Asp	Pro	Glu	Asn	Tyr	Thr	Val	Ile	Ile	Tyr	Asn	Asp	Glu	Tyr				
305					310					315					320				
His	Asn	Tyr	Ser	Gln	Ala	Thr	Thr	Ala	Leu	Arg	Gln	Gly	Val	Pro	Asp				
				325					330					335					
Asn	Val	His	Ile	Asp	Leu	Leu	Thr	Ser	Arg	Ile	Asp	Gly	Glu	Gly	Arg				
			340					345					350						
Ala	Met	Leu	Lys	Cys	Ser	Gln	Asp	Leu	Ser	Ser	Val	Leu	Gly	Gly	Phe				
		355						360					365						
Phe	Ala	Val	Gln	Thr	Asn	Gly	Leu	Ser	Ala	Thr	Leu	Thr	Ser	Trp	Ser				
	370					375						380							
Glu	Tyr	Leu	His	Gln	Glu	Ala	Cys	Lys	Tyr	Ile	Ile	Leu	Trp	Ile	Thr				
385					390					395					400				
His	Cys	Leu	Asn	Ile	Pro	Asn	Pro	Ser	Phe	Gln	Ile	Thr	Phe	Arg	Asn				
				405					410					415					
Met	Met	Gly	Lys	Ser	Leu	Cys	Ser	Glu	Tyr	Leu	Asn	Ala	Thr	Glu	Ser				
			420					425						430					
Arg	Asp	Met	Thr	Pro	Val	Val	Glu	Lys	Tyr	Phe	Ser	Thr	Lys	Phe	Asp				
		435					440						445						
Lys	Asp	Asp	Pro	Tyr	Arg	Tyr	Ile	Asp	Leu	Ser	Val	Leu	Ala	Glu	Gly				
	450					455					460								
Asn	Gln	Ile	Pro	Leu	Gly	His	His	Lys	Val	Leu	Pro	Glu	Ser	Ser	Thr				
465					470					475					480				
His	Ser	Leu	Ser	Thr	Leu	Ile	Asn	Asp	Val	Glu	Asn	Leu	Thr	Ser	Lys				
				485					490					495					
Glu	Tyr	Ser	Asn	Thr	Arg	Leu	Gln	His	Ile	Leu	Tyr	Phe	Asp	Asn	Arg				
			500					505					510						

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Leu Ile Glu Lys Val Ser Leu Lys Asp Ala Tyr Glu Ser Leu Glu Asn
 770 775 780
 Cys Pro Asp Phe Leu Lys Ile Ala Asp Phe Ser Leu Arg Ser Val Val
 785 790 795 800
 Leu Cys Ser Gln Ile Asp Val Gly Phe Trp Val Arg Asn Gly Met Ser
 805 810 815
 Val Leu His Gln Ala Ser Tyr Tyr Lys Asn Asn Pro Glu Leu Gly Ser
 820 825 830
 Tyr Ser Arg Asp Ile His Leu Asn Gln Leu Ala Ile Ile Trp Glu Arg
 835 840 845
 Asp Asp Leu Pro Arg Val Ile Tyr Asn Ile Leu Asp Arg Trp Glu Leu
 850 855 860
 Leu Asp Trp Phe Met Gly Glu Ala Glu Tyr Gln His Thr Val Tyr Glu
 865 870 875 880
 Asp Lys Ile Ser Phe Met Ile Gln Gln Phe Ile Ala Phe Ile Tyr Gln
 885 890 895
 Ile Leu Thr Glu Arg Gln Tyr Phe Lys Thr Phe Ser Leu Leu Arg Asp
 900 905 910
 Arg Arg Met Asp Met Ile Lys Asn Ser Ile Met Tyr Asn Leu Tyr Met
 915 920 925
 Lys Pro Leu Ser Tyr Ser Lys Leu Leu Lys Ser Val Pro Asp Tyr Leu
 930 935 940
 Thr Asp Asp Thr Thr Glu Phe Asp Glu Ala Leu Glu Glu Val Ser Val
 945 950 955 960
 Phe Val Glu Pro Lys Gly Leu Ala Asp Asn Gly Val Phe Lys Leu Lys
 965 970 975
 Ala Ala Leu Tyr Ala Lys Ile Asp Pro Leu Lys Leu Leu Asn Leu Glu
 980 985 990
 Asn Glu Phe Glu Ser Ser Ala Thr Ile Ile Lys Thr His Leu Ala Lys
 995 1000 1005
 Asn Lys Asp Glu Val Ser Lys Val Val Leu Ile Pro Gln Val Ser
 1010 1015 1020

ES 2 812 674 T3

Thr Lys	Leu Leu	Asp Lys	Gly	Ala Met	Asn Leu	Gly	Glu Phe	Thr
1025			1030			1035		
Arg Asn	Thr Val	Phe Ala	Lys	Val Ile	Tyr Lys	Leu	Leu Gln	Val
1040			1045			1050		
Cys Leu	Asp Met	Glu Asp	Ser	Thr Phe	Leu Asn	Glu	Leu Leu	His
1055			1060			1065		
Leu Val	His Gly	Ile Phe	Lys	Asp Asp	Glu Leu	Ile	Asn Gly	Lys
1070			1075			1080		
Asp Ser	Ile Pro	Glu Ala	Tyr	Leu Ala	Lys Pro	Ile	Cys Asn	Leu
1085			1090			1095		
Leu Leu	Ser Ile	Ala Asn	Ala	Lys Ser	Asp Ile	Phe	Ser Glu	Ser
1100			1105			1110		
Ile Val	Arg Lys	Ala Asp	Tyr	Leu Leu	Glu Lys	Met	Ile Met	Lys
1115			1120			1125		
Lys Pro	Asp Glu	Ile Phe	Glu	Ser Leu	Ile Ala	Ser	Phe Gly	Asn
1130			1135			1140		
Gln Tyr	Ile Asp	Asn Tyr	Lys	Asp Lys	Lys Leu	Ser	Gln Gly	Val
1145			1150			1155		
Asn Leu	Gln Glu	Thr Glu	Lys	Glu Arg	Lys Arg	Arg	Met Ala	Lys
1160			1165			1170		
Lys His	Gln Ala	Arg Leu	Leu	Ala Lys	Phe Asn	Asn	Gln Gln	Ser
1175			1180			1185		
Lys Phe	Met Lys	Glu His	Glu	Ser Glu	Phe Asp	Glu	Gln Asp	Asn
1190			1195			1200		
Asp Val	Asp Met	Asp Gly	Glu	Lys Val	Tyr Glu	Ser	Glu Asp	Phe
1205			1210			1215		
Thr Cys	Ala Leu	Cys Gln	Asp	Ser Ser	Ser Thr	Asp	Phe Phe	Val
1220			1225			1230		
Ile Pro	Ala Tyr	His Asp	His	Thr Pro	Ile Phe	Arg	Pro Gly	Asn
1235			1240			1245		
Ile Phe	Asn Pro	Arg Glu	Phe	Met Ala	Lys Trp	Asp	Gly Phe	Tyr

1250	1255	1260
Asn Asp 1265	Asp Asp Lys Gln Ala 1270	Tyr Ile Asp Asp Glu 1275
Ser Leu 1280	Lys Glu Asn Gly Thr 1285	Arg Gly Ser Arg Lys 1290
Ser Cys 1295	Asn His His Ile His 1300	His Asn Cys Phe Lys 1305
Gln Lys 1310	Lys Arg Phe Ser Ser 1315	Asn Ala Phe Ile Cys 1320
Gln Thr 1325	Phe Ser Asn Cys Thr 1330	Leu Pro Ile Cys Pro 1335
Ala Asn 1340	Thr Gly Leu Ser Leu 1345	Asp Met Phe Leu Lys 1350
Ser Leu 1355	Asp Ile Leu Ser Arg 1360	Leu Phe Lys Pro Phe 1365
Asn Tyr 1370	Arg Thr Ile Asn Ser 1375	Ile Phe Ser Leu Met 1380
Cys Gln 1385	Gly Phe Asp Lys Val 1390	Val Arg Lys His Val 1395
His Lys 1400	Asp Val Ser Leu Val 1405	Leu Ser Val His Trp 1410
Ile Ser 1415	Met Leu Glu Val Ala 1420	Ser Arg Leu Glu Lys 1425
Ile Ser 1430	Phe Phe Arg Ser Arg 1435	Glu Gln Lys Tyr Lys 1440
Asn Ile 1445	Leu Ile Cys Ile Met 1450	Leu Phe Thr Phe Val 1455
Pro Ser 1460	Met Glu Phe Glu Pro 1465	Tyr Pro Val Glu Ser 1470
Cys Asn 1475	Gln Asn Gln Leu Phe 1480	Gln Tyr Ile Val Arg 1485

Phe	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Arg	Glu	Thr	Ile	Thr	Glu	Ala	Leu	Thr
1490						1495					1500			
Val	Phe	Cys	Lys	Gln	Phe	Leu	Asp	Asp	Phe	Val	Gln	Gly	Leu	Ser
1505						1510					1515			
Asp	Ala	Glu	Gln	Val	Asp	Lys	Leu	Tyr	Thr	Glu	Ala	Lys	Lys	Leu
1520						1525					1530			
Gly	Asp	Val	Tyr	Asn	Val	Asp	Glu	Ser	Ile	Leu	Ile	Thr	Leu	Met
1535						1540					1545			
Ser	Ile	Thr	Val	Val	Lys	Thr	Glu	Gly	Leu	Glu	Ser	Arg	Ser	Ile
1550						1555					1560			
Tyr	Asp	Leu	Ala	Tyr	Thr	Ser	Leu	Leu	Lys	Ser	Leu	Leu	Pro	Thr
1565						1570					1575			
Ile	Arg	Arg	Cys	Leu	Val	Met	Val	Lys	Val	Leu	His	Glu	Leu	Val
1580						1585					1590			
Lys	Asp	Ser	Glu	Asn	Glu	Thr	Met	Val	Ile	Asp	Gly	Phe	Asp	Val
1595						1600					1605			
Glu	Glu	Glu	Leu	Glu	Phe	Glu	Gly	Leu	Pro	Gly	Phe	Val	Asp	Lys
1610						1615					1620			
Ala	Leu	Lys	Leu	Ile	Thr	Asp	Lys	Glu	Ser	Phe	Val	Asp	Leu	Phe
1625						1630					1635			
Lys	Thr	Lys	Gln	Ala	Ile	Val	Pro	Ser	His	Pro	Tyr	Leu	Glu	Arg
1640						1645					1650			
Ile	Pro	Tyr	Glu	Tyr	Cys	Gly	Ile	Val	Lys	Leu	Ile	Asp	Leu	Ser
1655						1660					1665			
Lys	Phe	Leu	Asn	Thr	Tyr	Val	Thr	Gln	Ser	Lys	Glu	Ile	Lys	Leu
1670						1675					1680			
Arg	Glu	Glu	Arg	Ser	Gln	His	Met	Lys	Asn	Ala	Asp	Asn	Arg	Leu
1685						1690					1695			
Asp	Phe	Lys	Ile	Cys	Leu	Thr	Cys	Gly	Val	Lys	Val	His	Leu	Arg
1700						1705					1710			
Ala	Asp	Arg	His	Glu	Met	Thr	Lys	His	Leu	Asn	Lys	Asn	Cys	Phe
1715						1720					1725			

ES 2 812 674 T3

Lys	Ser	Phe	Gly	Ala	Phe	Leu	Met	Pro	Asn	Ser	Ser	Glu	Val	Cys
1730						1735					1740			
Leu	His	Leu	Thr	Gln	Pro	Pro	Ser	Asn	Ile	Phe	Val	Ser	Ala	Pro
1745						1750					1755			
Tyr	Leu	Asn	Ser	His	Gly	Glu	Val	Gly	Arg	Asn	Ala	Met	Arg	Arg
1760						1765					1770			
Gly	Asp	Leu	Thr	Thr	Leu	Asn	Leu	Lys	Arg	Tyr	Glu	His	Leu	Asn
1775						1780					1785			
Arg	Leu	Trp	Ile	Asn	Asn	Glu	Ile	Pro	Gly	Tyr	Ile	Ser	Arg	Val
1790						1795					1800			
Met	Gly	Asp	Glu	Phe	Arg	Val	Thr	Ile	Leu	Ser	Asn	Gly	Phe	Leu
1805						1810					1815			
Phe	Ala	Phe	Asn	Arg	Glu	Pro	Arg	Pro	Arg	Arg	Val	Pro	Pro	Thr
1820						1825					1830			
Asp	Glu	Asp	Asp	Glu	Asp	Met	Glu	Glu	Gly	Glu	Glu	Gly	Phe	Phe
1835						1840					1845			
Thr	Glu	Glu	Asn	Asp	Asp	Met	Asp	Val	Asp	Asp	Glu	Thr	Gly	Gln
1850						1855					1860			
Ala	Ala	Asn	Leu	Phe	Gly	Val	Gly	Ala	Glu	Gly	Ile	Gly	Asp	Gly
1865						1870					1875			
Gly	Val	Arg	Asn	Phe	Phe	Gln	Phe	Phe	Glu	Asn	Phe	Arg	Asn	Thr
1880						1885					1890			
Leu	Gln	Pro	Gln	Gly	Asn	Asp	Asp	Glu	Asp	Ala	Pro	Gln	Asn	Pro
1895						1900					1905			
Pro	Pro	Ile	Leu	Gln	Phe	Leu	Gly	Pro	Gln	Phe	Asp	Gly	Ala	Thr
1910						1915					1920			
Ile	Ile	Arg	Asn	Thr	Asn	Gln	Arg	Asn	Leu	Asp	Glu	Asp	Asp	Ser
1925						1930					1935			
Ser	Glu	Asn	Asp	Asp	Ser	Asp	Glu	Arg	Glu	Ile	Trp			
1940						1945					1950			

<210> 12
<211> 520
<212> PRT
5 <213> Levadura híbrida 1

<400> 12

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

485

490

495

Tyr Pro Lys Asn Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg Thr Leu Lys Pro Trp
500 505 510

Glu Gly Arg Ile His Ile Asn Glu
515 520

<210> 13

5 <211> 520

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 13

10

ES 2 812 674 T3

Met	Gly	Tyr	Asp	Ile	Ala	Asn	Tyr	Glu	Lys	Val	Trp	Pro	Thr	Tyr	Gly	1	5	10	15
Thr	Asn	Glu	Asp	Cys	Phe	Ala	Leu	Ile	Glu	Lys	Thr	His	Lys	Leu	Gly	20	25	30	
Met	Lys	Phe	Ile	Thr	Asp	Leu	Val	Ile	Asn	His	Cys	Ser	Ser	Glu	His	35	40	45	
Glu	Trp	Phe	Lys	Glu	Ser	Arg	Ser	Ser	Lys	Thr	Asn	Pro	Lys	Arg	Asp	50	55	60	
Trp	Phe	Phe	Trp	Arg	Pro	Pro	Lys	Gly	Tyr	Asp	Ala	Glu	Gly	Lys	Pro	65	70	75	80
Ile	Pro	Pro	Asn	Asn	Trp	Lys	Ser	Tyr	Phe	Gly	Gly	Ser	Ala	Trp	Thr	85	90	95	
Phe	Asp	Glu	Lys	Thr	Gln	Glu	Phe	Tyr	Leu	Arg	Leu	Phe	Cys	Ser	Thr	100	105	110	
Gln	Pro	Asp	Leu	Asn	Trp	Glu	Asn	Glu	Asp	Cys	Arg	Lys	Ala	Ile	Tyr	115	120	125	
Glu	Ser	Ala	Val	Gly	Tyr	Trp	Leu	Asp	His	Gly	Val	Asp	Gly	Phe	Arg	130	135	140	
Ile	Asp	Val	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	Gly	Leu	Pro	Asp	Ala	145	150	155	160
Pro	Val	Val	Asp	Lys	Asn	Ser	Thr	Trp	Gln	Ser	Ser	Asp	Pro	Tyr	Thr	165	170	175	
Leu	Asn	Gly	Pro	Arg	Ile	His	Glu	Phe	His	Gln	Glu	Met	Asn	Gln	Phe				

[illegible]

ES 2 812 674 T3

Arg Lys Asn His Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Phe Asp Phe Lys Phe
435 440 445

Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe Thr Lys Arg Tyr Asn
450 455 460

Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser Ser Asp Ala Thr Asp
465 470 475 480

Phe Lys Ile Pro Asn Asp Gly Ser Ser Phe Lys Leu Glu Phe Gly Asn
485 490 495

Tyr Pro Lys Asn Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg Thr Leu Lys Pro Trp
500 505 510

Glu Gly Arg Ile His Ile Asn Glu
515 520

<210> 14

5 <211> 589

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 14

10

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Asn	Pro	Lys	Arg	Asp	Trp	Ser	Phe	Trp	Arg	Pro	Pro	Lys	Gly	Tyr	Asp	
130						135					140					
Ala	Glu	Gly	Lys	Pro	Ile	Pro	Pro	Asn	Asn	Trp	Lys	Ser	Tyr	Phe	Gly	
145					150					155					160	
Gly	Ser	Ala	Trp	Thr	Phe	Asp	Glu	Lys	Thr	Gln	Glu	Phe	Tyr	Leu	Arg	
				165					170					175		
Leu	Phe	Cys	Ser	Thr	Gln	Pro	Asp	Leu	Asn	Trp	Glu	Asn	Glu	Asp	Cys	
			180					185					190			
Arg	Lys	Ala	Ile	Tyr	Glu	Ser	Ala	Val	Gly	Tyr	Trp	Leu	Asp	His	Gly	
		195					200					205				
Val	Asp	Gly	Phe	Arg	Ile	Asp	Val	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	
	210					215					220					
Gly	Leu	Pro	Asp	Ala	Pro	Val	Val	Asp	Lys	Asn	Ser	Thr	Trp	Gln	Ser	
225					230					235					240	
Ser	Asp	Pro	Tyr	Thr	Leu	Asn	Gly	Pro	Arg	Ile	His	Glu	Phe	His	Gln	
				245					250					255		
Glu	Met	Asn	Gln	Phe	Ile	Arg	Asn	Arg	Val	Lys	Asp	Gly	Arg	Glu	Ile	
			260					265					270			
Met	Thr	Val	Gly	Glu	Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Arg	Leu	
		275					280					285				
Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser	Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	
	290					295					300					
His	Thr	Asp	Val	Gly	Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	
305					310					315					320	
Phe	Glu	Leu	Lys	Asp	Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Tyr	
				325					330					335		
Ile	Asn	Gly	Thr	Asp	Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	
			340					345					350			
Gln	Pro	Arg	Ser	Ile	Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	
		355					360					365				
Val	Ile	Ser	Gly	Lys	Leu	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Gly	
	370					375					380					

Thr	Leu	Tyr	Val	Tyr	Gln	Gly	Gln	Glu	Leu	Gly	Gln	Ile	Asn	Phe	Lys
385					390					395					400
Asn	Trp	Pro	Val	Glu	Lys	Tyr	Glu	Asp	Val	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Tyr
				405					410					415	
Asn	Ala	Ile	Lys	Glu	Glu	His	Gly	Glu	Asn	Ser	Glu	Glu	Met	Lys	Lys
			420					425					430		
Phe	Leu	Glu	Gly	Ile	Ala	Leu	Val	Ser	Arg	Asp	His	Ala	Arg	Thr	Pro
		435					440					445			
Met	Pro	Trp	Thr	Pro	Asn	Glu	Pro	Asn	Ala	Gly	Phe	Ser	Gly	Pro	Ser
	450					455					460				
Ala	Lys	Pro	Trp	Phe	Tyr	Leu	Asn	Asp	Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Ile	Asn
465					470					475					480
Val	Glu	Asp	Glu	Ile	Lys	Asp	Pro	Asn	Ser	Val	Leu	Asn	Phe	Trp	Lys
				485					490					495	
Glu	Ala	Leu	Lys	Phe	Arg	Lys	Ala	His	Lys	Asp	Ile	Thr	Val	Tyr	Gly
			500					505					510		
Tyr	Asp	Phe	Glu	Phe	Ile	Asp	Leu	Asp	Asn	Lys	Lys	Leu	Phe	Ser	Phe
	515						520					525			
Thr	Lys	Lys	Tyr	Asn	Asn	Lys	Thr	Leu	Phe	Ala	Ala	Leu	Asn	Phe	Ser
	530					535					540				
Ser	Asp	Ala	Thr	Asp	Phe	Lys	Ile	Pro	Asn	Asp	Asp	Ser	Ser	Phe	Lys
545					550					555					560
Leu	Glu	Phe	Gly	Asn	Tyr	Pro	Lys	Lys	Glu	Val	Asp	Ala	Ser	Ser	Arg
				565					570					575	
Thr	Leu	Lys	Pro	Trp	Glu	Gly	Arg	Ile	Tyr	Ile	Ser	Glu			
			580					585							

<210> 15

5 <211> 589

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 15

10

ES 2 812 674 T3

Met	Thr	Ile	Ser	Ser	Ala	His	Pro	Glu	Ala	Glu	Pro	Lys	Trp	Trp	Lys
1				5					10					15	

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Met	Thr	Val	Gly	Glu	Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Lys	Leu	275	280	285
Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser	Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	290	295	300
His	Thr	Asp	Val	Gly	Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	305	310	315
Phe	Glu	Leu	Lys	Asp	Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Phe	325	330	335
Ile	Asn	Gly	Thr	Asp	Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	340	345	350
Gln	Pro	Arg	Ser	Ile	Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	355	360	365
Val	Ile	Ser	Gly	Lys	Leu	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Gly	370	375	380
Thr	Leu	Tyr	Val	Tyr	Gln	Gly	Gln	Glu	Leu	Gly	Gln	Ile	Asn	Phe	Lys	385	390	395
Asn	Trp	Pro	Val	Glu	Lys	Tyr	Glu	Asp	Val	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Tyr	405	410	415
Asn	Ala	Ile	Lys	Glu	Glu	His	Gly	Glu	Asn	Ser	Glu	Glu	Met	Lys	Lys	420	425	430
Phe	Leu	Glu	Ala	Ile	Ala	Leu	Ile	Ser	Arg	Asp	His	Ala	Arg	Thr	Pro	435	440	445
Met	Gln	Trp	Ser	Arg	Glu	Glu	Pro	Asn	Ala	Gly	Phe	Ser	Gly	Pro	Ser	450	455	460
Ala	Lys	Pro	Trp	Phe	Tyr	Leu	Asn	Asp	Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Ile	Asn	465	470	475
Val	Glu	Asp	Glu	Ile	Lys	Asp	Pro	Asn	Ser	Val	Leu	Asn	Phe	Trp	Lys	485	490	495
Glu	Ala	Leu	Lys	Phe	Arg	Lys	Ala	His	Lys	Asp	Ile	Thr	Val	Tyr	Gly	500	505	510
Tyr	Asp	Phe	Glu	Phe	Ile	Asp	Leu	Asp	Asn	Lys	Lys	Leu	Phe	Ser	Phe			

ES 2 812 674 T3

515

520

525

Thr Lys Lys Tyr Asn Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser
530 535 540

Ser Asp Ala Thr Asp Phe Lys Ile Pro Asn Asp Asp Ser Ser Phe Lys
545 550 555 560

Leu Glu Phe Gly Asn Tyr Pro Lys Lys Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg
565 570 575

Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Glu
580 585

<210> 16

5 <211> 581

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 16

10

ES 2 812 674 T3

Met Thr Ile Ile His Asn Pro Lys Trp Trp Lys Glu Ala Thr Ile Tyr
1 5 10 15

Gln Ile Tyr Pro Ala Ser Phe Lys Asp Ser Asn Asn Asp Gly Trp Gly
20 25 30

Asp Leu Ala Gly Ile Thr Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Lys Glu Leu Gly
35 40 45

Val Asp Ala Ile Trp Val Cys Pro Phe Tyr Asp Ser Pro Gln Glu Asp
50 55 60

Met Gly Tyr Asp Ile Ala Asn Tyr Glu Lys Val Trp Pro Arg Tyr Gly
65 70 75 80

Thr Ser Glu Asp Cys Phe Gln Met Ile Glu Glu Ser His Lys Arg Gly
85 90 95

Ile Lys Val Ile Val Asp Leu Val Ile Asn His Cys Ser Glu Glu His
100 105 110

Glu Trp Phe Lys Glu Ser Arg Ser Ser Lys Thr Asn Ala Lys Arg Asp
115 120 125

Trp Phe Phe Trp Lys Pro Pro Lys Gly Tyr Glu Ile Asp Gly Thr Pro
130 135 140

Ile Pro Pro Asn Asn Trp Arg Ser Phe Phe Gly Gly Ser Ala Trp Lys

ES 2 812 674 T3

145		150		155		160
Tyr Asp Glu Asn Thr Glu Glu Phe Phe Leu His Val Phe Ala Pro Gly		165		170		175
Gln Pro Asp Phe Asn Trp Glu Asn Lys Glu Cys Arg Gln Ala Ile Tyr		180		185		190
Asp Ser Ser Val Gly Phe Trp Leu Arg His Asn Val Asp Gly Phe Arg		195		200		205
Ile Asp Val Gly Ser Met Tyr Ser Lys Val Glu Gly Leu Pro Asp Ala		210		215		220
Ser Ile Thr Asp Pro Thr Val Pro Tyr Gln Asp Gly Thr Asp Phe Phe		225		230		235
						240
Val Asn Gly Pro Arg Ile His Glu Tyr His Lys Glu Met Arg Gln Tyr		245		250		255
Met Tyr Thr Gln Ile Pro Glu Gly Lys Glu Ile Met Thr Val Gly Glu		260		265		270
Val Gly Ile Gly Asn Glu Lys Asp Phe Lys Asp Tyr Thr Ser Ser Lys		275		280		285
Glu Glu Glu Phe Asn Met Met Phe Asn Phe Lys His Thr Ser Val Gly		290		295		300
Glu Ser Pro Glu Phe Lys Tyr Glu Leu Ile Pro Phe Thr Leu Lys Asp		305		310		315
						320
Phe Lys Leu Ala Leu Ala Glu Ser Phe Leu Phe Ile Glu Gly Thr Asp		325		330		335
Cys Trp Ser Thr Ile Tyr Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Ser Val		340		345		350
Ser Arg Phe Gly Ser Asp Ser Pro Glu Trp Arg Glu Ile Ser Ser Lys		355		360		365
Met Leu Ala Thr Leu Ile Ile Ser Leu Thr Gly Thr Val Phe Ile Tyr		370		375		380
Gln Gly Gln Glu Leu Gly Met Pro Asn Phe Lys Asn Arg Lys Ile Glu		385		390		395
						400

Gln Ile Lys Cys Val Glu Gly Thr Gly Thr Tyr Gly Ala Ile Lys Arg
405 410 415

Asp Tyr Gly Glu Asp Ser Glu Lys Met Lys Lys Phe Tyr Glu Ala Leu
420 425 430

Ala Leu Ile Ser Arg Asp His Gly Arg Thr Pro Phe Pro Trp Ser Gly
435 440 445

Glu Lys Pro Tyr Ala Gly Phe Ser Lys Asn Ala Lys Pro Trp Ile Asp
450 455 460

Ile Asn Glu Ser Phe Val Glu Gly Ile Asn Ala Glu Ala Glu Leu Asn
465 470 475 480

Asp Glu Asn Ser Val Phe Phe Phe Trp Lys Arg Ala Leu Gln Val Arg
485 490 495

Lys Glu His Lys Asn Met Leu Val Tyr Gly Asp Asn Phe Gln Phe Tyr
500 505 510

Asp Leu Asp Asn Glu Lys Leu Phe Met Phe Thr Lys Asp Ser Gly Asp
515 520 525

Lys Lys Met Phe Ala Val Phe Asn Phe Cys Ser Asp Ser Thr Glu Phe
530 535 540

Ser Val Pro Asp Asn Lys Ala Ser Tyr Asp Met Phe Phe Gly Asn Tyr
545 550 555 560

Ala Asn Ser Asp Gly Lys Ser Tyr Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg
565 570 575

Leu Tyr Tyr Ser Asn
580

<210> 17

5 <211> 581

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 17

10

ES 2 812 674 T3

Met Thr Ile Ile His Asn Pro Lys Trp Trp Lys Glu Ala Thr Val Tyr
 1 5 10 15

Gln Ile Tyr Pro Ala Ser Asn Lys Asp Ser Asn Asn Asp Gly Trp Gly
 20 25 30

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Glu Gly Glu Leu Asn Met Met Phe Asn Phe Lys His Thr Ser Val Gly
 290 295 300
 Glu Ser Pro Glu Cys Lys Tyr Glu Leu Ile Pro Phe Thr Leu Lys Asp
 305 310 315 320
 Phe Lys Leu Ala Leu Ala Glu Ser Phe Leu Phe Ile Glu Asn Thr Asp
 325 330 335
 Cys Trp Ser Thr Ile Tyr Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Ser Val
 340 345 350
 Ser Arg Phe Gly Ser Asp Ser Pro Lys Trp Arg Ala Ile Ser Ser Lys
 355 360 365
 Met Leu Ala Thr Leu Ile Ile Ser Leu Thr Gly Thr Val Phe Ile Tyr
 370 375 380
 Gln Gly Gln Glu Leu Gly Met Ser Asn Phe Lys Asn Arg Arg Ile Glu
 385 390 395 400
 Gln Ile Lys Cys Val Glu Gly Thr Gly Thr Tyr Ala Ala Ile Lys Arg
 405 410 415
 Asp Tyr Gly Glu Asp Ser Glu Lys Met Lys Lys Phe Phe Glu Ala Leu
 420 425 430
 Ala Leu Ile Ser Arg Asp His Gly Arg Thr Pro Phe Pro Trp Ser Ala
 435 440 445
 Asp Glu Pro Ser Ala Gly Phe Ser Lys Asp Ala Lys Pro Arg Ile Asp
 450 455 460
 Met Asn Glu Ser Phe Arg Asp Gly Ile Asn Ala Glu Ala Glu Leu Lys
 465 470 475 480
 Asp Lys Asn Ser Val Phe Phe Phe Trp Lys Lys Ala Leu Gln Val Arg
 485 490 495
 Lys Glu His Lys Asp Ile Leu Val Tyr Gly His Asn Phe Gln Phe Ile
 500 505 510
 Asp Leu Asp Asn Asp Lys Leu Phe Met Phe Thr Lys Asp Thr Asp Asn
 515 520 525
 Lys Lys Met Phe Ala Val Phe Asn Phe Ser Ser Asp Asp Thr Asp Phe
 530 535 540

ES 2 812 674 T3

Ser Val Pro Asp Asn Glu Ala Ser Tyr Thr Met Phe Phe Gly Asn Tyr
545 550 555 560

Ala Asn Ser Asn Gly Asp Ser Arg Thr Leu Gln Pro Trp Glu Gly Arg
565 570 575

Leu Tyr Leu Leu Lys
580

<210> 18

5 <211> 610

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 18

10

ES 2 812 674 T3

Met	Lys	Asn	Ile	Leu	Ser	Leu	Val	Gly	Arg	Lys	Glu	Asn	Thr	Pro	Glu	1	5	10	15
Asp	Val	Thr	Ala	Asn	Leu	Ala	Asp	Thr	Ser	Ser	Thr	Thr	Val	Met	Gln	20	25	30	
Ala	Lys	Asp	Leu	Val	Ile	Glu	Asp	Phe	Glu	Glu	Arg	Lys	Lys	Asn	Asp	35	40	45	
Ala	Phe	Glu	Leu	Asn	His	Leu	Glu	Leu	Thr	Thr	Asn	Ala	Thr	Gln	Leu	50	55	60	
Ser	Asp	Ser	Asp	Glu	Asp	Lys	Glu	Asn	Val	Ile	Arg	Val	Ala	Glu	Ala	65	70	75	80
Thr	Asp	Asp	Ala	Asn	Glu	Ala	Asn	Asn	Glu	Glu	Lys	Ser	Met	Thr	Leu	85	90	95	
Arg	Gln	Ala	Leu	Arg	Lys	Tyr	Pro	Lys	Ala	Ala	Leu	Trp	Ser	Ile	Leu	100	105	110	
Val	Ser	Thr	Thr	Leu	Val	Met	Glu	Gly	Tyr	Asp	Thr	Ala	Leu	Leu	Ser	115	120	125	
Ala	Leu	Tyr	Ala	Leu	Pro	Val	Phe	Gln	Arg	Lys	Phe	Gly	Thr	Met	Asn	130	135	140	
Ala	Glu	Gly	Ser	Tyr	Glu	Ile	Thr	Ser	Gln	Trp	Gln	Ile	Gly	Leu	Asn	145	150	155	160
Met	Cys	Val	Leu	Cys	Gly	Glu	Met	Ile	Gly	Leu	Gln	Ile	Thr	Thr	Tyr	165	170	175	

ES 2 812 674 T3

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

Leu Leu Thr Ala Tyr Ile Phe Ile Leu Tyr Tyr Cys Lys Ser Leu Ala
195 200 205

Met Ile Ala Val Gly Gln Ile Leu Ser Ala Met Pro Trp Gly Cys Phe
210 215 220

Gln Ser Leu Ala Val Thr Tyr Ala Ser Glu Val Cys Pro Leu Ala Leu
225 230 235 240

Arg Tyr Tyr Met Thr Ser Tyr Ser Asn Ile Cys Trp Leu Phe Gly Gln
245 250 255

Ile Phe Ala Ser Gly Ile Met Lys Asn Ser Gln Glu Asn Leu Gly Asn
260 265 270

Ser Asp Leu Gly Tyr Lys Leu Pro Phe Ala Leu Gln Trp Ile Trp Pro
275 280 285

Ala Pro Leu Ile Ile Gly Ile Phe Phe Ala Pro Glu Ser Pro Trp Trp
290 295 300

Leu Val Arg Lys Asn Lys Ile Val Glu Ala Lys Lys Ser Leu Asn Arg
305 310 315 320

Ile Leu Ser Gly Thr Val Thr Glu Lys Glu Ile Gln Val Asp Ile Thr
325 330 335

Leu Lys Gln Ile Glu Met Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Arg Ala Ser
340 345 350

Lys Ser Gly Ser Phe Phe Ser Cys Phe Lys Gly Val Asp Gly Arg Arg
355 360 365

Thr Arg Leu Ala Cys Leu Thr Trp Val Ala Gln Asn Ser Ser Gly Ala
370 375 380

Val Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe Glu Arg Ala Gly Met Ala
385 390 395 400

Thr Asp Lys Ala Phe Thr Phe Ser Leu Ile Gln Tyr Cys Leu Gly Leu
405 410 415

Ala Gly Thr Leu Gly Ser Trp Val Ile Ser Gly Arg Val Gly Arg Trp

ES 2 812 674 T3

			420					425					430		
Thr	Ile	Leu	Thr	Tyr	Gly	Leu	Ser	Phe	Gln	Met	Val	Cys	Leu	Phe	Ile
		435					440					445			
Ile	Gly	Gly	Met	Gly	Phe	Ala	Ser	Gly	Ser	Ser	Ala	Ser	Asn	Ala	Ala
	450					455					460				
Gly	Gly	Leu	Leu	Leu	Ala	Leu	Ser	Phe	Phe	Tyr	Asn	Ala	Gly	Ile	Gly
465					470					475					480
Ala	Val	Val	Tyr	Cys	Ile	Val	Ala	Glu	Ile	Pro	Ser	Ala	Glu	Leu	Arg
				485						490					495
Thr	Lys	Thr	Ile	Val	Leu	Ala	Arg	Ile	Cys	Tyr	Asn	Leu	Met	Ala	Val
			500					505					510		
Phe	Asn	Ala	Ile	Leu	Thr	Pro	Tyr	Met	Leu	Asn	Val	Ser	Asp	Trp	Asn
		515					520					525			
Trp	Gly	Ala	Lys	Thr	Gly	Leu	Tyr	Trp	Gly	Gly	Phe	Thr	Ala	Leu	Thr
	530					535					540				
Leu	Ala	Trp	Val	Ile	Ile	Asp	Leu	Pro	Glu	Thr	Thr	Gly	Arg	Thr	Phe
545					550					555					560
Ser	Glu	Ile	Asn	Glu	Leu	Phe	Ser	Gln	Gly	Val	Pro	Ala	Arg	Lys	Phe
				565					570					575	
Ala	Ser	Thr	Val	Val	Asp	Pro	Phe	Gly	Lys	Arg	Gly	Leu	Gln	Asn	Arg
			580					585					590		
Pro	Gln	Val	Asp	Asn	Ile	Ile	Asp	Arg	Phe	Ser	Ser	Ala	Ser	Gln	Gln
		595					600					605			
Ala	Leu														
	610														

<210> 19

5 <211> 616

<212> PRT

<213> Levadura h brida 1

<400> 19

10

ES 2 812 674 T3

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

Asn Glu Asp Lys Asn Ile Ser Glu Ser Ser Arg Asp Ile Val Asn Gln

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Ser Asp Leu Gly Tyr Lys Leu Pro Phe Ala Leu Gln Trp Ile Trp Pro
 275 280 285
 Ala Pro Leu Met Ile Gly Ile Phe Phe Ala Pro Glu Ser Pro Trp Trp
 290 295 300
 Leu Val Arg Lys Asp Arg Val Ala Glu Ala Arg Lys Ser Leu Ser Arg
 305 310 315 320
 Ile Leu Ser Gly Lys Gly Ala Glu Lys Asp Ile Gln Ile Asp Leu Thr
 325 330 335
 Leu Lys Gln Ile Glu Leu Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Leu Ala Ser
 340 345 350
 Lys Ser Gly Ser Phe Leu Asp Cys Phe Lys Gly Val Asn Gly Arg Arg
 355 360 365
 Thr Arg Leu Ala Cys Leu Thr Trp Val Ala Gln Asn Thr Ser Gly Ala
 370 375 380
 Cys Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe Glu Arg Ala Gly Met Ala
 385 390 395 400
 Thr Asp Lys Ala Phe Thr Phe Ser Val Ile Gln Tyr Cys Leu Gly Leu
 405 410 415
 Ala Gly Thr Leu Cys Ser Trp Val Ile Ser Gly Arg Val Gly Arg Trp
 420 425 430
 Thr Ile Leu Thr Tyr Gly Leu Ala Phe Gln Met Val Cys Leu Phe Ile
 435 440 445
 Ile Gly Gly Met Gly Phe Gly Ser Gly Ser Gly Ala Ser Asn Gly Ala
 450 455 460
 Gly Gly Leu Leu Leu Ala Leu Ser Phe Phe Tyr Asn Ala Gly Ile Gly
 465 470 475 480
 Ala Val Val Tyr Cys Ile Val Thr Glu Ile Pro Ser Ala Glu Leu Arg
 485 490 495
 Thr Lys Thr Ile Val Leu Ala Arg Ile Cys Tyr Asn Ile Met Ala Val
 500 505 510
 Ile Asn Ala Ile Leu Thr Pro Tyr Met Leu Asn Val Ser Asp Trp Asn
 515 520 525

Trp Gly Ala Lys Thr Gly Leu Tyr Trp Gly Gly Phe Thr Ala Val Thr
530 535 540

Leu Ala Trp Val Ile Ile Asp Leu Pro Glu Thr Ser Gly Arg Thr Phe
545 550 555 560

Ser Glu Ile Asn Glu Leu Phe Asn Gln Gly Val Pro Ala Arg Lys Phe
565 570 575

Ala Ser Thr Val Val Asp Pro Phe Gly Lys Gly Lys Thr Gln His Asp
580 585 590

Ser Leu Asp Asp Glu Ser Ile Ser Gln Ser Ser Ser Ile Lys Gln Arg
595 600 605

Glu Leu Asn Ala Ala Asp Lys Cys
610 615

<210> 20

5 <211> 616

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 20

10

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Ala Leu Tyr Ala Leu Pro Val Phe Gln Arg Lys Phe Gly Thr Leu Asn
130 135 140

Gly Glu Gly Ser Tyr Glu Ile Thr Ser Gln Trp Gln Ile Gly Leu Asn
145 150 155 160

Met Cys Val Gln Cys Gly Glu Ile Ile Gly Leu Gln Ile Thr Pro Tyr
165 170 175

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

Leu Leu Thr Ala Tyr Val Phe Ile Leu Tyr Tyr Cys Lys Ser Leu Ala
195 200 205

Met Ile Ala Val Gly Gln Val Leu Ser Ala Met Pro Trp Gly Cys Phe
210 215 220

Gln Gly Leu Thr Val Thr Tyr Ala Ser Glu Val Cys Pro Leu Ala Leu
225 230 235 240

Arg Tyr Tyr Met Thr Ser Tyr Ser Asn Ile Cys Trp Leu Phe Gly Gln
245 250 255

Ile Phe Ala Ser Gly Ile Met Lys Asn Ser Gln Glu Asn Leu Gly Asn
260 265 270

Ser Asp Leu Gly Tyr Lys Leu Pro Phe Ala Leu Gln Trp Ile Trp Pro
275 280 285

Ala Pro Leu Met Ile Gly Ile Phe Phe Ala Pro Glu Ser Pro Trp Trp
290 295 300

Leu Val Arg Lys Asp Arg Val Ala Glu Ala Arg Lys Ser Leu Ser Arg
305 310 315 320

Ile Leu Ser Gly Lys Gly Ala Glu Lys Asp Ile Gln Ile Asp Leu Thr
325 330 335

Leu Lys Gln Ile Glu Leu Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Leu Ala Ser
340 345 350

Lys Ser Gly Ser Phe Phe Asp Cys Phe Lys Gly Val Asn Gly Arg Arg
355 360 365

Thr Arg Leu Ala Cys Leu Thr Trp Val Ala Gln Asn Thr Ser Gly Ala
370 375 380

ES 2 812 674 T3

Cys	Leu	Leu	Gly	Tyr	Ser	Ala	Tyr	Phe	Phe	Glu	Arg	Ala	Gly	Met	Ala	385	390	395	400
Thr	Asp	Lys	Ala	Phe	Thr	Phe	Ser	Val	Ile	Gln	Tyr	Cys	Leu	Gly	Leu	405	410	415	
Ala	Gly	Thr	Leu	Cys	Ser	Trp	Val	Ile	Ser	Gly	Arg	Val	Gly	Arg	Trp	420	425	430	
Thr	Ile	Leu	Thr	Tyr	Gly	Leu	Ala	Phe	Gln	Met	Val	Cys	Leu	Phe	Ile	435	440	445	
Ile	Gly	Gly	Met	Gly	Phe	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Ala	Ser	Asn	Gly	Ala	450	455	460	
Gly	Gly	Leu	Leu	Leu	Ala	Leu	Ser	Phe	Phe	Tyr	Asn	Ala	Gly	Ile	Gly	465	470	475	480
Ala	Val	Val	Tyr	Cys	Ile	Val	Thr	Glu	Ile	Pro	Ser	Ala	Glu	Leu	Arg	485	490	495	
Thr	Lys	Thr	Ile	Val	Leu	Ala	Arg	Ile	Cys	Tyr	Asn	Ile	Met	Ala	Val	500	505	510	
Ile	Asn	Ala	Ile	Leu	Thr	Pro	Tyr	Met	Leu	Asn	Val	Ser	Asp	Trp	Asn	515	520	525	
Trp	Gly	Ala	Lys	Thr	Gly	Leu	Tyr	Trp	Gly	Gly	Phe	Thr	Ala	Val	Thr	530	535	540	
Leu	Ala	Trp	Val	Ile	Ile	Asp	Leu	Pro	Glu	Thr	Ser	Gly	Arg	Thr	Phe	545	550	555	560
Ser	Glu	Ile	Asn	Glu	Leu	Phe	Asn	Gln	Gly	Val	Pro	Ala	Arg	Lys	Phe	565	570	575	
Ala	Ser	Thr	Val	Val	Asp	Pro	Phe	Gly	Lys	Gly	Lys	Thr	Gln	His	Asp	580	585	590	
Ser	Leu	Asp	Asp	Glu	Ser	Ile	Ser	Gln	Ser	Ser	Ser	Ile	Lys	Gln	Arg	595	600	605	
Glu	Leu	Asn	Ala	Ala	Asp	Lys	Cys									610	615		

<210> 21
<211> 589
<212> PRT
5 <213> Levadura híbrida 4

<400> 21

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Val Glu Asp Glu Ile Lys Asp Pro Asn Ser Val Leu Asn Phe Trp Lys
485 490 495

Glu Ala Leu Lys Phe Arg Lys Ala His Lys Asp Ile Thr Val Tyr Gly
500 505 510

Tyr Asp Phe Glu Phe Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe
515 520 525

Thr Lys Lys Tyr Asn Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser
530 535 540

Ser Asp Ala Thr Asp Phe Lys Ile Pro Asn Asp Asp Ser Ser Phe Lys
545 550 555 560

Leu Glu Phe Gly Asn Tyr Pro Lys Lys Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg
565 570 575

Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Glu
580 585

<210> 22

5 <211> 589

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 4

<400> 22

10

ES 2 812 674 T3

Met Thr Ile Ser Ser Ala His Pro Glu Thr Glu Pro Lys Trp Trp Lys
1 5 10 15

Glu Ala Thr Phe Tyr Gln Ile Tyr Pro Ala Ser Phe Lys Asp Ser Asn
20 25 30

Asp Asp Gly Trp Gly Asp Met Lys Gly Ile Ser Ser Lys Leu Glu Tyr
35 40 45

Ile Lys Glu Leu Gly Val Asp Ala Ile Trp Ile Ser Pro Phe Tyr Asp
50 55 60

Ser Pro Gln Asp Asp Met Gly Tyr Asp Ile Ala Asn Tyr Glu Lys Val
65 70 75 80

Trp Pro Thr Tyr Gly Thr Asn Glu Asp Cys Phe Ala Leu Ile Glu Lys
85 90 95

Thr His Lys Leu Gly Met Lys Phe Ile Thr Asp Leu Val Ile Asn His
100 105 110

ES 2 812 674 T3

Cys	Ser	Ser	Glu	His	Glu	Trp	Phe	Lys	Glu	Ser	Arg	Ser	Ser	Lys	Thr	115	120	125
Asn	Pro	Lys	Arg	Asp	Trp	Phe	Phe	Trp	Arg	Pro	Pro	Lys	Gly	Tyr	Asp	130	135	140
Ala	Glu	Gly	Lys	Pro	Ile	Pro	Pro	Asn	Asn	Trp	Lys	Ser	Tyr	Phe	Gly	145	150	155
Gly	Ser	Ala	Trp	Ile	Phe	Asp	Glu	Lys	Thr	Gln	Glu	Phe	Tyr	Leu	Arg	165	170	175
Leu	Phe	Cys	Ser	Thr	Gln	Pro	Asp	Leu	Asn	Trp	Glu	Asn	Glu	Asp	Cys	180	185	190
Arg	Lys	Ala	Ile	Tyr	Glu	Ser	Ala	Val	Gly	Tyr	Trp	Leu	Asp	His	Gly	195	200	205
Val	Asp	Gly	Phe	Arg	Ile	Asp	Val	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	210	215	220
Gly	Leu	Pro	Asp	Ala	Pro	Val	Val	Asp	Lys	Asn	Ser	Thr	Trp	Gln	Ser	225	230	235
Ser	Asp	Pro	Tyr	Thr	Leu	Asn	Gly	Pro	Arg	Ile	His	Glu	Phe	His	Gln	245	250	255
Glu	Met	Asn	Gln	Phe	Ile	Arg	Asn	Arg	Val	Lys	Asp	Gly	Arg	Glu	Ile	260	265	270
Met	Thr	Val	Gly	Glu	Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Arg	Leu	275	280	285
Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser	Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	290	295	300
His	Thr	Asp	Val	Gly	Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	305	310	315
Phe	Glu	Leu	Lys	Asp	Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Tyr	325	330	335
Ile	Asn	Gly	Thr	Asp	Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	340	345	350
Gln	Pro	Arg	Ser	Ile	Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	355	360	365

ES 2 812 674 T3

Val Ile Ser Gly Lys Leu Leu Ser Val Leu Leu Ser Ala Leu Thr Gly
370 375 380

Thr Leu Tyr Val Tyr Gln Gly Gln Glu Leu Gly Gln Ile Asn Phe Lys
385 390 395 400

Asn Trp Pro Val Glu Lys Tyr Glu Asp Val Glu Ile Arg Asn Asn Tyr
405 410 415

Asn Ala Ile Lys Glu Glu His Gly Glu Asn Ser Glu Glu Met Lys Lys
420 425 430

Phe Leu Glu Ala Ile Ala Leu Ile Ser Arg Asp His Ala Arg Thr Pro
435 440 445

Met Gln Trp Ser Arg Glu Glu Pro Asn Ala Gly Phe Ser Gly Pro Ser
450 455 460

Ala Lys Pro Trp Phe Tyr Leu Asn Asp Ser Phe Arg Glu Gly Ile Asn
465 470 475 480

Val Glu Asp Glu Ile Lys Asp Pro Asn Ser Val Leu Asn Phe Trp Lys
485 490 495

Glu Ala Leu Lys Phe Arg Lys Ala His Lys Asp Ile Thr Val Tyr Gly
500 505 510

Tyr Asp Phe Glu Phe Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe
515 520 525

Thr Lys Lys Tyr Asn Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser
530 535 540

Ser Asp Ala Thr Asp Phe Lys Ile Pro Asn Asp Asp Ser Ser Phe Lys
545 550 555 560

Leu Glu Phe Gly Asn Tyr Pro Lys Lys Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg
565 570 575

Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Glu
580 585

<210> 23

5 <211> 589

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 23

5

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

500

505

510

Tyr Asp Phe Glu Phe Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe
515 520 525

Thr Lys Lys Tyr Asn Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser
530 535 540

Ser Asp Ala Thr Asp Phe Lys Ile Pro Asn Asp Asp Ser Ser Phe Lys
545 550 555 560

Leu Glu Phe Gly Asn Tyr Pro Lys Lys Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg
565 570 575

Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Glu
580 585

<210> 24

5 <211> 589

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 24

10

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

130		135		140
Ala Glu Gly Lys Pro Ile Pro Pro Asn Asn Trp Lys Ser Tyr Phe Gly				
145		150		155
Gly Ser Ala Trp Thr Phe Asp Glu Lys Thr Gln Glu Phe Tyr Leu Arg				
		165		170
				175
Leu Phe Cys Ser Thr Gln Pro Asp Leu Asn Trp Glu Asn Glu Asp Cys				
		180		185
				190
Arg Lys Ala Ile Tyr Glu Ser Ala Val Gly Tyr Trp Leu Asp His Gly				
		195		200
				205
Val Asp Gly Phe Arg Ile Asp Val Gly Ser Leu Tyr Ser Lys Val Val				
		210		215
				220
Gly Leu Pro Asp Ala Pro Val Val Asp Lys Asn Ser Thr Trp Gln Ser				
		225		230
				235
Ser Asp Pro Tyr Thr Leu Asn Gly Pro Arg Ile His Glu Phe His Gln				
		245		250
				255
Glu Met Asn Gln Phe Ile Arg Asn Arg Val Lys Asp Gly Arg Glu Ile				
		260		265
				270
Met Thr Val Gly Glu Met Gln His Ala Ser Asp Glu Thr Lys Arg Leu				
		275		280
				285
Tyr Thr Ser Ala Ser Arg His Glu Leu Ser Glu Leu Phe Asn Phe Ser				
		290		295
				300
His Thr Asp Val Gly Thr Ser Pro Leu Phe Arg Tyr Asn Leu Val Pro				
		305		310
				315
Phe Glu Leu Lys Asp Trp Lys Ile Ala Leu Ala Glu Leu Phe Arg Tyr				
		325		330
				335
Ile Asn Gly Thr Asp Cys Trp Ser Thr Ile Tyr Leu Glu Asn His Asp				
		340		345
				350
Gln Pro Arg Ser Ile Thr Arg Phe Gly Asp Asp Ser Pro Lys Asn Arg				
		355		360
				365
Val Ile Ser Gly Lys Leu Leu Ser Val Leu Leu Ser Ala Leu Thr Gly				
		370		375
				380

ES 2 812 674 T3

Thr Leu Tyr Val Tyr Gln Gly Gln Glu Leu Gly Gln Ile Asn Phe Lys
385 390 395 400

Asn Trp Pro Val Glu Lys Tyr Glu Asp Val Glu Ile Arg Asn Asn Tyr
405 410 415

Asn Ala Ile Lys Glu Glu His Gly Glu Asn Ser Glu Glu Met Lys Lys
420 425 430

Phe Leu Glu Ala Ile Ala Leu Ile Ser Arg Asp His Ala Arg Thr Pro
435 440 445

Met Gln Trp Ser Arg Glu Glu Pro Asn Ala Gly Phe Ser Gly Pro Ser
450 455 460

Ala Lys Pro Trp Phe Tyr Leu Asn Asp Ser Phe Arg Glu Gly Ile Asn
465 470 475 480

Val Glu Asp Glu Ile Lys Asp Pro Asn Ser Val Leu Asn Phe Trp Lys
485 490 495

Glu Ala Leu Lys Phe Arg Lys Ala His Lys Asp Ile Thr Val Tyr Gly
500 505 510

Tyr Asp Phe Glu Phe Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe
515 520 525

Thr Lys Lys Tyr Asn Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser
530 535 540

Ser Asp Ala Thr Asp Phe Lys Ile Pro Asn Asp Asp Ser Ser Phe Lys
545 550 555 560

Leu Glu Phe Gly Asn Tyr Pro Lys Lys Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg
565 570 575

Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Glu
580 585

<210> 25
5 <211> 589
<212> PRT
<213> Levadura híbrida 7

<400> 25

ES 2 812 674 T3

Met	Thr	Ile	Ser	Ser	Ala	His	Pro	Glu	Thr	Glu	Pro	Lys	Trp	Trp	Lys
1				5					10					15	

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Met	Thr	Val	Gly	Glu	Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Arg	Leu	275	280	285
Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser	Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	290	295	300
His	Thr	Asp	Val	Gly	Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	305	310	315
Phe	Glu	Leu	Lys	Asp	Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Tyr	325	330	335
Ile	Asn	Gly	Thr	Asp	Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	340	345	350
Gln	Pro	Arg	Ser	Ile	Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	355	360	365
Val	Ile	Ser	Gly	Lys	Leu	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Gly	370	375	380
Thr	Leu	Tyr	Val	Tyr	Gln	Gly	Gln	Glu	Leu	Gly	Gln	Ile	Asn	Phe	Lys	385	390	395
Asn	Trp	Pro	Val	Glu	Lys	Tyr	Glu	Asp	Val	Glu	Ile	Arg	Asn	Asn	Tyr	405	410	415
Asn	Ala	Ile	Lys	Glu	Glu	His	Gly	Glu	Asn	Ser	Glu	Glu	Met	Lys	Lys	420	425	430
Phe	Leu	Glu	Ala	Ile	Ala	Leu	Ile	Ser	Arg	Asp	His	Ala	Arg	Thr	Pro	435	440	445
Met	Gln	Trp	Ser	Arg	Glu	Glu	Pro	Asn	Ala	Gly	Phe	Ser	Gly	Pro	Ser	450	455	460
Ala	Lys	Pro	Trp	Phe	Tyr	Leu	Asn	Asp	Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Ile	Asn	465	470	475
Val	Glu	Asp	Glu	Ile	Lys	Asp	Pro	Asn	Ser	Val	Leu	Asn	Phe	Trp	Lys	485	490	495
Glu	Ala	Leu	Lys	Phe	Arg	Lys	Ala	His	Lys	Asp	Ile	Thr	Val	Tyr	Gly	500	505	510
Tyr	Asp	Phe	Glu	Phe	Ile	Asp	Leu	Asp	Asn	Lys	Lys	Leu	Phe	Ser	Phe	515	520	525

ES 2 812 674 T3

Thr Lys Lys Tyr Asn Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser
530 535 540

Ser Asp Ala Thr Asp Phe Lys Ile Pro Asn Asp Asp Ser Ser Phe Lys
545 550 555 560

Leu Glu Phe Gly Asn Tyr Pro Lys Lys Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg
565 570 575

Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg Ile Tyr Ile Ser Glu
580 585

<210> 26

5 <211> 394

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 4

<400> 26

10

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Met Cys Val Gln Cys Gly Glu Met Ile Gly Leu Gln Ile Thr Thr Tyr
165 170 175

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

Leu Leu Thr Ala Tyr Ile Phe Ile Leu Tyr Tyr Cys Lys Ser Leu Ala
195 200 205

Met Ile Ala Val Gly Gln Val Leu Ser Ala Met Pro Trp Gly Cys Phe
210 215 220

Gln Gly Leu Thr Val Thr Tyr Ala Ser Glu Val Cys Pro Leu Ala Leu
225 230 235 240

Arg Tyr Tyr Met Thr Ser Tyr Ser Asn Ile Cys Trp Leu Phe Gly Gln
245 250 255

Ile Phe Ala Ser Gly Ile Met Lys Asn Ser Gln Glu Asn Leu Gly Asn
260 265 270

Ser Asp Leu Asp Tyr Lys Leu Pro Phe Ala Leu Gln Trp Ile Trp Pro
275 280 285

Ala Pro Leu Met Ile Gly Ile Phe Phe Ala Pro Glu Ser Pro Trp Trp
290 295 300

Leu Val Arg Lys Asp Arg Val Ala Glu Ala Arg Lys Ser Leu Ser Arg
305 310 315 320

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

Leu Lys Gln Ile Glu Leu Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Leu Ala Ser
340 345 350

Lys Ser Gly Ser Phe Phe Asp Cys Phe Lys Gly Val Asn Gly Arg Arg
355 360 365

Thr Arg Leu Ala Cys Leu Ala Trp Val Ala Gln Asn Thr Ser Gly Ala
370 375 380

Cys Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe
385 390

<210> 27
<211> 610
<212> PRT
5 <213> Levadura híbrida 4

<400> 27

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

Ala Val Val Tyr Cys Ile Val Ala Glu Ile Pro Ser Ala Glu Leu Arg
485 490 495

Thr Lys Thr Ile Val Leu Ala Arg Ile Cys Tyr Asn Leu Met Ala Val
500 505 510

Phe Asn Ala Ile Leu Thr Pro Tyr Met Leu Asn Val Ser Asp Trp Asn
515 520 525

Trp Gly Ala Lys Thr Gly Leu Tyr Trp Gly Asp Phe Thr Ala Leu Thr
530 535 540

Leu Ala Trp Val Ile Ile Asp Leu Pro Glu Thr Thr Gly Arg Thr Phe
545 550 555 560

Ser Glu Ile Asn Glu Leu Phe Ser Gln Gly Val Pro Ala Arg Lys Phe
565 570 575

Ala Ser Thr Val Val Asp Pro Phe Gly Lys Arg Gly Leu Gln Asn Arg
580 585 590

Pro Gln Val Asp Asn Ile Ile Asp Arg Phe Ser Ser Ala Ser Gln Gln
595 600 605

Ala Leu
610

<210> 28

5 <211> 610

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 4

<400> 28

10

ES 2 812 674 T3

Met Lys Asn Ile Leu Ser Leu Val Gly Arg Lys Glu Asn Thr Pro Glu
1 5 10 15

Asp Val Thr Ala Asn Leu Ala Asp Thr Ser Ser Thr Thr Val Met Gln
20 25 30

Ala Lys Asp Leu Val Ile Glu Asp Phe Glu Glu Arg Lys Lys Asn Asp
35 40 45

Ala Phe Glu Leu Asn His Leu Glu Leu Thr Thr Asn Ala Thr Gln Leu
50 55 60

Ser Asp Ser Asp Glu Asp Lys Glu Asn Val Ile Arg Val Ala Glu Ala
65 70 75 80

ES 2 812 674 T3

Thr	Asp	Asp	Ala	Asn	Glu	Ala	Asn	Asn	Glu	Glu	Lys	Ser	Met	Thr	Leu	85	90	95
Arg	Gln	Ala	Leu	Arg	Lys	Tyr	Pro	Lys	Ala	Ala	Leu	Trp	Ser	Ile	Leu	100	105	110
Val	Ser	Thr	Thr	Leu	Val	Met	Glu	Gly	Tyr	Asp	Thr	Ala	Leu	Leu	Ser	115	120	125
Ala	Leu	Tyr	Ala	Leu	Pro	Val	Phe	Gln	Arg	Lys	Phe	Gly	Thr	Met	Asn	130	135	140
Ala	Glu	Gly	Ser	Tyr	Glu	Ile	Thr	Ser	Gln	Trp	Gln	Ile	Gly	Leu	Asn	145	150	155
Met	Cys	Val	Leu	Cys	Gly	Glu	Met	Ile	Gly	Leu	Gln	Ile	Thr	Thr	Tyr	165	170	175
Met	Val	Glu	Phe	Met	Gly	Asn	Arg	Tyr	Thr	Met	Ile	Thr	Ala	Leu	Ser	180	185	190
Leu	Leu	Thr	Ala	Tyr	Ile	Phe	Ile	Leu	Tyr	Tyr	Cys	Lys	Ser	Leu	Ala	195	200	205
Met	Ile	Ala	Val	Gly	Gln	Ile	Leu	Ser	Ala	Met	Pro	Trp	Gly	Cys	Phe	210	215	220
Gln	Ser	Leu	Ala	Val	Thr	Tyr	Ala	Ser	Glu	Val	Cys	Pro	Leu	Ala	Leu	225	230	235
Arg	Tyr	Tyr	Met	Thr	Ser	Tyr	Ser	Asn	Ile	Cys	Trp	Leu	Phe	Gly	Gln	245	250	255
Ile	Phe	Ala	Ser	Gly	Ile	Met	Lys	Asn	Ser	Gln	Glu	Asn	Leu	Gly	Asn	260	265	270
Ser	Asp	Leu	Gly	Tyr	Lys	Leu	Pro	Phe	Ala	Leu	Gln	Trp	Ile	Trp	Pro	275	280	285
Ala	Pro	Leu	Ile	Ile	Gly	Ile	Phe	Phe	Ala	Pro	Glu	Ser	Pro	Trp	Trp	290	295	300
Leu	Val	Arg	Lys	Asn	Lys	Ile	Val	Glu	Ala	Lys	Lys	Ser	Leu	Asn	Arg	305	310	315
Ile	Leu	Ser	Gly	Thr	Val	Thr	Glu	Lys	Glu	Ile	Gln	Val	Asp	Ile	Thr	325	330	335

ES 2 812 674 T3

Leu Lys Gln Ile Glu Met Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Arg Ala Ser
 340 345 350
 Lys Ser Gly Ser Phe Phe Ser Cys Phe Lys Gly Val Asp Gly Arg Arg
 355 360 365
 Thr Arg Leu Ala Cys Leu Thr Trp Val Ala Gln Asn Ser Ser Gly Ala
 370 375 380
 Val Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe Glu Arg Ala Gly Met Ala
 385 390 395 400
 Thr Asp Lys Ala Phe Thr Phe Ser Leu Ile Gln Tyr Cys Leu Gly Leu
 405 410 415
 Ala Gly Thr Leu Gly Ser Trp Val Ile Ser Gly Arg Val Gly Arg Trp
 420 425 430
 Thr Ile Leu Thr Tyr Gly Leu Ser Phe Gln Met Val Cys Leu Phe Ile
 435 440 445
 Ile Gly Gly Met Gly Phe Ala Ser Gly Ser Ser Ala Ser Asn Ala Ala
 450 455 460
 Gly Gly Leu Leu Leu Ala Leu Ser Phe Phe Tyr Asn Ala Gly Ile Gly
 465 470 475 480
 Ala Val Val Tyr Cys Ile Val Ala Glu Ile Pro Ser Ala Glu Leu Arg
 485 490 495
 Thr Lys Thr Ile Val Leu Ala Arg Ile Cys Tyr Asn Leu Met Ala Val
 500 505 510
 Phe Asn Ala Ile Leu Thr Pro Tyr Met Leu Asn Val Ser Asp Trp Asn
 515 520 525
 Trp Gly Ala Lys Thr Gly Leu Tyr Trp Gly Gly Phe Thr Ala Leu Thr
 530 535 540
 Leu Ala Trp Val Ile Ile Asp Leu Pro Glu Thr Thr Gly Arg Thr Phe
 545 550 555 560
 Ser Glu Ile Asn Glu Leu Phe Ser Gln Gly Val Pro Ala Arg Lys Phe
 565 570 575
 Ala Ser Thr Val Val Asp Pro Phe Gly Lys Arg Gly Leu Gln Asn Arg
 580 585 590

ES 2 812 674 T3

Pro Gln Val Asp Asn Ile Ile Asp Arg Phe Ser Ser Ala Ser Gln Gln
595 600 605

Ala Leu
610

<210> 29

5 <211> 394

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 29

10

ES 2 812 674 T3

Met	Lys	Asn	Ile	Ile	Ser	Leu	Val	Ser	Lys	Lys	Lys	Ala	Ala	Ser	Lys	1	5	10	15
Asn	Glu	Asp	Lys	Asn	Ile	Ser	Glu	Ser	Ser	Arg	Asp	Ile	Val	Asn	Gln	20	25	30	
Gln	Glu	Val	Phe	Asn	Thr	Glu	Asn	Phe	Glu	Glu	Gly	Lys	Lys	Asp	Ser	35	40	45	
Ala	Phe	Glu	Leu	Asp	His	Leu	Glu	Phe	Thr	Thr	Asn	Ser	Ala	Gln	Leu	50	55	60	
Gly	Asp	Ser	Asp	Glu	Asp	Asn	Glu	Asn	Met	Ile	Asn	Glu	Met	Asn	Ala	65	70	75	80
Thr	Asp	Glu	Ala	Asn	Glu	Ala	Asn	Ser	Glu	Glu	Lys	Ser	Met	Thr	Leu	85	90	95	
Lys	Gln	Ala	Leu	Leu	Lys	Tyr	Pro	Lys	Ala	Ala	Leu	Trp	Ser	Ile	Leu	100	105	110	
Val	Ser	Thr	Thr	Leu	Val	Met	Glu	Gly	Tyr	Asp	Thr	Ala	Leu	Leu	Asn	115	120	125	
Ala	Leu	Tyr	Ala	Leu	Pro	Val	Phe	Gln	Arg	Lys	Phe	Gly	Thr	Leu	Asn	130	135	140	
Gly	Glu	Gly	Ser	Tyr	Glu	Ile	Thr	Ser	Gln	Trp	Gln	Ile	Gly	Leu	Asn	145	150	155	160
Met	Cys	Val	Gln	Cys	Gly	Glu	Met	Ile	Gly	Leu	Gln	Ile	Thr	Thr	Tyr	165	170	175	
Met	Val	Glu	Phe	Met	Gly	Asn	Arg	Tyr	Thr	Met	Ile	Thr	Ala	Leu	Gly	180	185	190	

ES 2 812 674 T3

Leu Leu Thr Ala Tyr Ile Phe Ile Leu Tyr Tyr Cys Lys Ser Leu Ala
 195 200 205
 Met Ile Ala Val Gly Gln Val Leu Ser Ala Met Pro Trp Gly Cys Phe
 210 215 220
 Gln Gly Leu Thr Val Thr Tyr Ala Ser Glu Val Cys Pro Leu Ala Leu
 225 230 235 240
 Arg Tyr Tyr Met Thr Ser Tyr Ser Asn Ile Cys Trp Leu Phe Gly Gln
 245 250 255
 Ile Phe Ala Ser Gly Ile Met Lys Asn Ser Gln Glu Asn Leu Gly Asn
 260 265 270
 Ser Asp Leu Asp Tyr Lys Leu Pro Phe Ala Leu Gln Trp Ile Trp Pro
 275 280 285
 Ala Pro Leu Met Ile Gly Ile Phe Phe Ala Pro Glu Ser Pro Trp Trp
 290 295 300
 Leu Val Arg Lys Asp Arg Val Ala Glu Ala Arg Lys Ser Leu Ser Arg
 305 310 315 320
 Ile Leu Ser Gly Lys Gly Ala Glu Lys Asp Ile Gln Val Asp Leu Thr
 325 330 335
 Leu Lys Gln Ile Glu Leu Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Leu Ala Ser
 340 345 350
 Lys Ser Gly Ser Phe Phe Asp Cys Phe Lys Gly Val Asn Gly Arg Arg
 355 360 365
 Thr Arg Leu Ala Cys Leu Ala Trp Val Ala Gln Asn Thr Ser Gly Ala
 370 375 380
 Cys Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe
 385 390

<210> 30

<211> 616

5 <212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 30

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

260	265	270
Ser Asp Leu Gly Tyr Lys Leu Pro Phe Ala Leu Gln Trp Ile Trp Pro		
275	280	285
Ala Pro Leu Met Ile Gly Ile Phe Phe Ala Pro Glu Ser Pro Trp Trp		
290	295	300
Leu Val Arg Lys Asp Arg Val Ala Glu Ala Arg Lys Ser Leu Ser Arg		
305	310	315
Ile Leu Ser Gly Lys Gly Ala Glu Lys Asp Ile Gln Ile Asp Leu Thr		
325	330	335
Leu Lys Gln Ile Glu Leu Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Leu Ala Ser		
340	345	350
Lys Ser Gly Ser Phe Phe Asp Cys Phe Lys Gly Val Asn Gly Arg Arg		
355	360	365
Thr Arg Leu Ala Cys Leu Thr Trp Val Ala Gln Asn Thr Ser Gly Ala		
370	375	380
Cys Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe Glu Arg Ala Gly Met Ala		
385	390	395
Thr Asp Lys Ala Phe Thr Phe Ser Val Ile Gln Tyr Cys Leu Gly Leu		
405	410	415
Ala Gly Thr Leu Cys Ser Trp Val Ile Ser Gly Arg Val Gly Arg Trp		
420	425	430
Thr Ile Leu Thr Tyr Gly Leu Ala Phe Gln Met Val Cys Leu Phe Ile		
435	440	445
Ile Gly Gly Met Gly Phe Gly Ser Gly Ser Gly Ala Ser Asn Gly Ala		
450	455	460
Gly Gly Leu Leu Leu Ala Leu Ser Phe Phe Tyr Asn Ala Gly Ile Gly		
465	470	475
Ala Val Val Tyr Cys Ile Val Thr Glu Ile Pro Ser Ala Glu Leu Arg		
485	490	495
Thr Lys Thr Ile Val Leu Ala Arg Ile Cys Tyr Asn Ile Met Ala Val		
500	505	510

ES 2 812 674 T3

Ile Asn Ala Ile Leu Thr Pro Tyr Met Leu Asn Val Ser Asp Trp Asn
515 520 525

Trp Gly Ala Lys Thr Gly Leu Tyr Trp Gly Gly Phe Thr Ala Val Thr
530 535 540

Leu Ala Trp Val Ile Ile Asp Leu Pro Glu Thr Ser Gly Arg Thr Phe
545 550 555 560

Ser Glu Ile Asn Glu Leu Phe Asn Gln Gly Val Pro Ala Arg Lys Phe
565 570 575

Ala Ser Thr Val Val Asp Pro Phe Gly Lys Gly Lys Thr Gln His Asp
580 585 590

Ser Leu Asp Asp Glu Ser Ile Ser Gln Ser Ser Ser Ile Lys Gln Arg
595 600 605

Glu Leu Asn Ala Ala Asp Lys Cys
610 615

<210> 31

5 <211> 610

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 31

10

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Val	Ser	Thr	Thr	Leu	Val	Met	Glu	Gly	Tyr	Asp	Thr	Ala	Leu	Leu	Ser	115	120	125
Ala	Leu	Tyr	Ala	Leu	Pro	Val	Phe	Gln	Arg	Lys	Phe	Gly	Thr	Met	Asn	130	135	140
Ala	Glu	Gly	Ser	Tyr	Glu	Ile	Thr	Ser	Gln	Trp	Gln	Ile	Gly	Leu	Asn	145	150	155
Met	Cys	Val	Leu	Cys	Gly	Glu	Met	Ile	Gly	Leu	Gln	Ile	Thr	Thr	Tyr	165	170	175
Met	Val	Glu	Phe	Met	Gly	Asn	Arg	Tyr	Thr	Met	Ile	Thr	Ala	Leu	Ser	180	185	190
Leu	Leu	Thr	Ala	Tyr	Ile	Phe	Ile	Leu	Tyr	Tyr	Cys	Lys	Ser	Leu	Ala	195	200	205
Met	Ile	Ala	Val	Gly	Gln	Ile	Leu	Ser	Ala	Met	Pro	Trp	Gly	Cys	Phe	210	215	220
Gln	Ser	Leu	Ala	Val	Thr	Tyr	Ala	Ser	Glu	Val	Cys	Pro	Leu	Ala	Leu	225	230	235
Arg	Tyr	Tyr	Met	Thr	Ser	Tyr	Ser	Asn	Ile	Cys	Trp	Leu	Phe	Gly	Gln	245	250	255
Ile	Phe	Ala	Ser	Gly	Ile	Met	Lys	Asn	Ser	Gln	Glu	Asn	Leu	Gly	Asn	260	265	270
Ser	Asp	Leu	Gly	Tyr	Lys	Leu	Pro	Phe	Ala	Leu	Gln	Trp	Ile	Trp	Pro	275	280	285
Ala	Pro	Leu	Ile	Ile	Gly	Ile	Phe	Phe	Ala	Pro	Glu	Ser	Pro	Trp	Trp	290	295	300
Leu	Val	Arg	Lys	Asn	Lys	Ile	Val	Glu	Ala	Lys	Lys	Ser	Leu	Asn	Arg	305	310	315
Ile	Leu	Ser	Gly	Thr	Val	Thr	Glu	Lys	Glu	Ile	Gln	Val	Asp	Ile	Thr	325	330	335
Leu	Lys	Gln	Ile	Glu	Met	Thr	Ile	Glu	Lys	Glu	Arg	Leu	Arg	Ala	Ser	340	345	350
Lys	Ser	Gly	Ser	Phe	Phe	Ser	Cys	Phe	Lys	Gly	Val	Asp	Gly	Arg	Arg	355	360	365

ES 2 812 674 T3

Thr Arg Leu Ala Cys Leu Thr Trp Val Ala Gln Asn Ser Ser Gly Ala
 370 375 380
 Val Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe Glu Arg Ala Gly Met Ala
 385 390 395 400
 Thr Asp Lys Ala Phe Thr Phe Ser Leu Ile Gln Tyr Cys Leu Gly Leu
 405 410 415
 Ala Gly Thr Leu Gly Ser Trp Val Ile Ser Gly Arg Val Gly Arg Trp
 420 425 430
 Thr Ile Leu Thr Tyr Gly Leu Ser Phe Gln Met Val Cys Leu Phe Ile
 435 440 445
 Ile Gly Gly Met Gly Phe Ala Ser Gly Ser Ser Ala Ser Asn Ala Ala
 450 455 460
 Gly Gly Leu Leu Leu Ala Leu Ser Phe Phe Tyr Asn Ala Gly Ile Gly
 465 470 475 480
 Ala Val Val Tyr Cys Ile Val Ala Glu Ile Pro Ser Ala Glu Leu Arg
 485 490 495
 Thr Lys Thr Ile Val Leu Ala Arg Ile Cys Tyr Asn Leu Met Ala Val
 500 505 510
 Phe Asn Ala Ile Leu Thr Pro Tyr Met Leu Asn Val Ser Asp Trp Asn
 515 520 525
 Trp Gly Ala Lys Thr Gly Leu Tyr Trp Gly Gly Phe Thr Ala Leu Thr
 530 535 540
 Leu Ala Trp Val Ile Ile Asp Leu Pro Glu Thr Thr Gly Arg Thr Phe
 545 550 555 560
 Ser Glu Ile Asn Glu Leu Phe Ser Gln Gly Val Pro Ala Arg Lys Phe
 565 570 575
 Ala Ser Thr Val Val Asp Pro Phe Gly Lys Arg Gly Leu Gln Asn Arg
 580 585 590
 Pro Gln Val Asp Asn Ile Ile Asp Arg Phe Ser Ser Ala Ser Gln Gln
 595 600 605
 Ala Leu
 610

<210> 32
<211> 610
<212> PRT
5 <213> Levadura híbrida 7

<400> 32

ES 2 812 674 T3

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

Gln Ser Leu Ala Val Thr Tyr Ala Ser Glu Val Cys Pro Leu Ala Leu
 225 230 235 240

Arg Tyr Tyr Met Thr Ser Tyr Ser Asn Ile Cys Trp Leu Phe Gly Gln
 245 250 255

Ile Phe Ala Ser Gly Ile Met Lys Asn Ser Gln Glu Asn Leu Gly Asn
 260 265 270

Ser Asp Leu Gly Tyr Lys Leu Pro Phe Ala Leu Gln Trp Ile Trp Pro
 275 280 285

Ala Pro Leu Ile Ile Gly Ile Phe Phe Ala Pro Glu Ser Pro Trp Trp
 290 295 300

Leu Val Arg Lys Asn Lys Ile Val Glu Ala Lys Lys Ser Leu Asn Arg
 305 310 315 320

Ile Leu Ser Gly Thr Val Thr Glu Lys Glu Ile Gln Val Asp Ile Thr
 325 330 335

Leu Lys Gln Ile Glu Met Thr Ile Glu Lys Glu Arg Leu Arg Ala Ser
 340 345 350

Lys Ser Gly Ser Phe Phe Ser Cys Phe Lys Gly Val Asp Gly Arg Arg
 355 360 365

Thr Arg Leu Ala Cys Leu Thr Trp Val Ala Gln Asn Ser Ser Gly Ala
 370 375 380

Val Leu Leu Gly Tyr Ser Thr Tyr Phe Phe Glu Arg Ala Gly Met Ala
 385 390 395 400

Thr Asp Lys Ala Phe Thr Phe Ser Leu Ile Gln Tyr Cys Leu Gly Leu
 405 410 415

Ala Gly Thr Leu Gly Ser Trp Val Ile Ser Gly Arg Val Gly Arg Trp
 420 425 430

Thr Ile Leu Thr Tyr Gly Leu Ser Phe Gln Met Val Cys Leu Phe Ile
 435 440 445

Ile Gly Gly Met Gly Phe Ala Ser Gly Ser Ser Ala Ser Asn Ala Ala
 450 455 460

Gly Gly Leu Leu Leu Ala Leu Ser Phe Phe Tyr Asn Ala Gly Ile Gly

465		470		475		480
Ala Val Val Tyr Cys	Ile Val Ala Glu Ile	Pro Ser Ala Glu Leu Arg				
	485	490			495	
Thr Lys Thr Ile Val	Leu Ala Arg Ile Cys Tyr Asn Leu Met Ala Val					
	500	505			510	
Phe Asn Ala Ile Leu Thr	Pro Tyr Met Leu Asn Val Ser Asp Trp Asn					
	515	520			525	
Trp Gly Ala Lys Thr Gly	Leu Tyr Trp Gly Gly Phe Thr Ala Leu Thr					
	530	535			540	
Leu Ala Trp Val Ile Ile	Asp Leu Pro Glu Thr Thr Gly Arg Thr Phe					
	545	550		555		560
Gly Glu Ile Asn Glu Leu Phe Ser	Gln Gly Val Pro Ala Arg Lys Phe					
	565	570			575	
Ala Ser Thr Val Val Asp Pro Phe	Gly Lys Arg Gly Leu Gln Asn Arg					
	580	585			590	
Pro Gln Val Asp Asn Ile Ile	Asp Arg Phe Ser Ser Ala Ser Gln Gln					
	595	600			605	
Ala Leu						
	610					

<210> 33

5 <211> 520

<212> PRT

<213> Levadura híbrida_7

<400> 33

10

ES 2 812 674 T3

Met Gly Tyr Asp Ile Ala Asn Tyr Glu Lys Val Trp Pro Thr Tyr Gly
1 5 10 15

Thr Asn Glu Asp Cys Phe Ala Leu Ile Glu Lys Thr His Lys Leu Gly
20 25 30

Met Lys Phe Ile Thr Asp Leu Val Ile Asn His Cys Ser Ser Glu His
35 40 45

Glu Trp Phe Lys Glu Ser Arg Ser Ser Lys Thr Asn Pro Lys Arg Asp
50 55 60

Trp Phe Phe Trp Arg Pro Pro Lys Gly Tyr Asp Ala Glu Gly Lys Pro

ES 2 812 674 T3

65	70								75					80			
Ile	Pro	Pro	Asn	Asn	Trp	Lys	Ser	Tyr	Phe	Gly	Gly	Ser	Ala	Trp	Thr		
				85					90					95			
Phe	Asp	Glu	Lys	Thr	Gln	Glu	Phe	Tyr	Leu	Arg	Leu	Phe	Cys	Ser	Thr		
			100					105					110				
Gln	Pro	Asp	Leu	Asn	Trp	Glu	Asn	Glu	Asp	Cys	Arg	Lys	Ala	Ile	Tyr		
		115					120					125					
Glu	Ser	Ala	Val	Gly	Tyr	Trp	Leu	Asp	His	Gly	Val	Asp	Gly	Phe	Arg		
	130					135					140						
Ile	Asp	Val	Gly	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Val	Val	Gly	Leu	Pro	Asp	Ala		
145					150					155					160		
Pro	Val	Val	Asp	Lys	Asn	Ser	Thr	Trp	Gln	Ser	Ser	Asp	Pro	Tyr	Thr		
				165					170					175			
Leu	Asn	Gly	Pro	Arg	Ile	His	Glu	Phe	His	Gln	Glu	Met	Asn	Gln	Phe		
			180					185					190				
Ile	Arg	Asn	Arg	Val	Lys	Asp	Gly	Arg	Glu	Ile	Met	Thr	Val	Gly	Glu		
		195					200					205					
Met	Gln	His	Ala	Ser	Asp	Glu	Thr	Lys	Arg	Leu	Tyr	Thr	Ser	Ala	Ser		
	210					215					220						
Arg	His	Glu	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asn	Phe	Ser	His	Thr	Asp	Val	Gly		
225					230					235					240		
Thr	Ser	Pro	Leu	Phe	Arg	Tyr	Asn	Leu	Val	Pro	Phe	Glu	Leu	Lys	Asp		
				245					250					255			
Trp	Lys	Ile	Ala	Leu	Ala	Glu	Leu	Phe	Arg	Phe	Ile	Asn	Gly	Thr	Asp		
			260					265					270				
Cys	Trp	Ser	Thr	Ile	Tyr	Leu	Glu	Asn	His	Asp	Gln	Pro	Arg	Ser	Ile		
		275					280					285					
Thr	Arg	Phe	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Lys	Asn	Arg	Val	Ile	Ser	Gly	Lys		
	290					295					300						
Leu	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Leu	Thr	Gly	Thr	Leu	Tyr	Val	Tyr		
305					310					315					320		

Gln Gly Gln Glu Leu Gly Gln Ile Asn Phe Lys Asn Trp Ser Val Glu
 325 330 335

Lys Tyr Glu Asp Val Glu Ile Arg Asn Asn Tyr Arg Leu Ile Lys Glu
 340 345 350

Glu Cys Gly Glu Asn Ser Glu Glu Met Lys Lys Phe Leu Glu Gly Ile
 355 360 365

Ala Leu Val Ser Arg Asp His Ala Arg Thr Pro Met Pro Trp Thr Pro
 370 375 380

Asn Glu Pro Asn Ala Gly Phe Ser Gly Pro Asn Thr Lys Pro Trp Phe
 385 390 395 400

Tyr Leu Asn Glu Ser Phe Arg Gln Gly Ile Asn Val Glu Glu Glu Gln
 405 410 415

Lys Asn Ser Asp Ser Val Leu Ala Phe Trp Lys Lys Ala Leu Glu Phe
 420 425 430

Arg Lys Asn His Lys Asp Ile Ala Val Tyr Gly Phe Asp Phe Lys Phe
 435 440 445

Ile Asp Leu Asp Asn Lys Lys Leu Phe Ser Phe Thr Lys Arg Tyr Asn
 450 455 460

Asn Lys Thr Leu Phe Ala Ala Leu Asn Phe Ser Ser Asp Ala Thr Asp
 465 470 475 480

Phe Lys Ile Pro Asn Asp Gly Ser Ser Phe Lys Leu Glu Phe Gly Asn
 485 490 495

Tyr Pro Lys Asn Glu Val Asp Ala Ser Ser Arg Thr Leu Lys Pro Trp
 500 505 510

Glu Gly Arg Ile His Ile Asn Glu
 515 520

<210> 34

5 <211> 581

<212> PRT

<213> Levadura híbrida_1

<400> 34

10

ES 2 812 674 T3

Met	Thr	Ile	Ile	His	Asn	Pro	Lys	Trp	Trp	Lys	Glu	Ala	Thr	Val	Tyr
1				5					10					15	

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Val Gly Val Gly Asn Glu Glu Asp Phe Arg Asp Tyr Thr Ser Ala Lys
 275 280 285
 Glu Gly Glu Leu Asn Met Met Phe Asn Phe Lys His Thr Ser Val Gly
 290 295 300
 Glu Ser Pro Glu Cys Lys Tyr Glu Leu Ile Pro Phe Thr Leu Lys Asp
 305 310 315 320
 Phe Lys Leu Ala Leu Ala Glu Ser Phe Leu Phe Ile Glu Asn Thr Asp
 325 330 335
 Cys Trp Ser Thr Ile Tyr Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Ser Val
 340 345 350
 Ser Arg Phe Gly Ser Asp Ser Pro Lys Trp Arg Ala Ile Ser Ser Lys
 355 360 365
 Met Leu Ala Thr Leu Ile Ile Ser Leu Thr Gly Thr Val Phe Ile Tyr
 370 375 380
 Gln Gly Gln Glu Leu Gly Met Ser Asn Phe Lys Asn Arg Arg Ile Glu
 385 390 395 400
 Gln Ile Lys Cys Val Glu Gly Thr Gly Thr Tyr Ala Ala Ile Lys Arg
 405 410 415
 Asp Tyr Gly Glu Asp Ser Glu Lys Met Lys Lys Phe Phe Glu Ala Leu
 420 425 430
 Ala Leu Ile Ser Arg Asp His Gly Arg Thr Pro Phe Pro Trp Ser Ala
 435 440 445
 Asp Glu Pro Ser Ala Gly Phe Ser Lys Asp Ala Lys Pro Trp Ile Asp
 450 455 460
 Met Asn Glu Ser Phe Arg Asp Gly Ile Asn Ala Glu Ala Glu Leu Lys
 465 470 475 480
 Asp Lys Asn Ser Val Phe Phe Phe Trp Lys Lys Ala Leu Gln Val Arg
 485 490 495
 Lys Glu His Lys Asp Ile Leu Val Tyr Gly His Asn Phe Gln Phe Ile
 500 505 510
 Asp Leu Asp Asn Asp Lys Leu Phe Met Phe Thr Lys Asp Thr Asp Asn
 515 520 525

Lys Lys Met Phe Ala Val Phe Asn Phe Ser Ser Asp Asn Thr Asp Phe
530 535 540

Ser Val Pro Asp Asn Glu Ala Ser Tyr Thr Met Phe Phe Gly Asn Tyr
545 550 555 560

Ala Asn Ser Asn Gly Asp Ser Arg Thr Leu Gln Pro Trp Glu Gly Arg
565 570 575

Leu Tyr Leu Leu Lys
580

<210> 35

5 <211> 581

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 35

10

ES 2 812 674 T3

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

Tyr Asp Glu Lys Thr Gly Glu Phe Phe Leu His Val Phe Ala Pro Gly
 165 170 175

Gln Pro Asp Phe Asn Trp Glu Asn Glu Lys Cys Arg Lys Ala Ile Tyr
 180 185 190

Asp Ser Ser Val Gly Tyr Trp Leu Arg His Asn Val Asp Gly Phe Arg
 195 200 205

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

Pro Ile Thr Asp Pro Thr Val Pro Tyr Gln Lys Gly Thr Glu Phe Phe
 225 230 235 240

Ile Asn Gly Pro Arg Ile His Glu Tyr His Lys Glu Met Arg Lys Tyr
 245 250 255

Met Leu Ser Gln Ile Pro Glu Gly Lys Glu Ile Met Thr Val Gly Glu
 260 265 270

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

Glu Gly Glu Leu Asn Met Met Phe Asn Phe Lys His Thr Ser Val Gly
 290 295 300

Glu Ser Pro Glu Cys Lys Tyr Glu Leu Ile Pro Phe Thr Leu Lys Asp
 305 310 315 320

Phe Lys Leu Ala Leu Ala Glu Ser Phe Leu Phe Ile Glu Asn Thr Asp
 325 330 335

Cys Trp Ser Thr Ile Tyr Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Ser Val
 340 345 350

Ser Arg Phe Gly Ser Asp Ser Pro Lys Trp Arg Ala Ile Ser Ser Lys
 355 360 365

Met Leu Ala Thr Leu Ile Ile Ser Leu Thr Gly Thr Val Phe Ile Tyr
 370 375 380

Gln Gly Gln Glu Leu Gly Met Ser Asn Phe Lys Asn Arg Arg Ile Glu
 385 390 395 400

Gln Ile Lys Cys Val Glu Gly Thr Gly Thr Tyr Ala Ala Ile Lys Arg

ES 2 812 674 T3

405					410					415					
Asp	Tyr	Gly	Glu	Asp	Ser	Glu	Lys	Met	Lys	Lys	Phe	Phe	Glu	Ala	Leu
			420					425					430		
Ala	Leu	Ile	Ser	Arg	Asp	His	Gly	Arg	Thr	Pro	Phe	Pro	Trp	Ser	Ala
		435					440					445			
Asp	Glu	Pro	Ser	Ala	Gly	Phe	Ser	Lys	Asp	Ala	Lys	Pro	Trp	Ile	Asp
	450					455					460				
Met	Asn	Glu	Ser	Phe	Arg	Asp	Gly	Ile	Asn	Ala	Glu	Ala	Glu	Leu	Lys
465						470					475				480
Asp	Lys	Asn	Ser	Val	Phe	Phe	Phe	Trp	Lys	Lys	Ala	Leu	Gln	Val	Arg
				485					490					495	
Lys	Glu	His	Lys	Asp	Ile	Leu	Val	Tyr	Gly	His	Asn	Phe	Gln	Phe	Ile
			500					505					510		
Asp	Leu	Asp	Asn	Asp	Lys	Leu	Phe	Met	Phe	Thr	Lys	Asp	Thr	Asp	Asn
		515					520					525			
Lys	Lys	Met	Phe	Ala	Val	Phe	Asn	Phe	Ser	Ser	Asp	Asn	Thr	Asp	Phe
	530					535					540				
Ser	Val	Pro	Asp	Asn	Glu	Ala	Ser	Tyr	Thr	Met	Phe	Phe	Gly	Asn	Tyr
545						550					555				560
Ala	Asn	Ser	Asn	Gly	Asp	Ser	Arg	Thr	Leu	Gln	Pro	Trp	Glu	Gly	Arg
				565					570					575	
Leu	Tyr	Leu	Leu	Lys											
			580												

<210> 36

5 <211> 575

<212> PRT

<213> Alelo de híbrido 7

<400> 36

10

ES 2 812 674 T3

Pro Lys Trp Trp Lys Glu Ala Thr Ile Tyr Gln Ile Tyr Pro Ala Ser
 1 5 10 15

Phe Lys Asp Ser Asn Asn Asp Gly Trp Gly Asp Leu Ala Gly Ile Thr
 20 25 30

Ser Lys Leu Asp Tyr Ile Lys Glu Leu Gly Val Asp Ala Ile Trp Val

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Met Phe Asn Phe Lys His Thr Ser Val Gly Glu Ser Pro Glu Phe Lys
290 295 300

Tyr Glu Leu Ile Pro Phe Thr Leu Lys Asp Phe Lys Leu Ala Leu Ala
305 310 315 320

Glu Ser Phe Leu Phe Ile Glu Gly Thr Asp Cys Trp Ser Thr Ile Tyr
325 330 335

Leu Glu Asn His Asp Gln Pro Arg Ser Val Ser Arg Phe Gly Ser Asp
340 345 350

Ser Pro Glu Trp Arg Glu Ile Ser Ser Lys Met Leu Ala Thr Leu Ile
355 360 365

Ile Ser Leu Thr Gly Thr Val Phe Ile Tyr Gln Gly Gln Glu Leu Gly
370 375 380

Met Pro Asn Phe Lys Asn Arg Lys Ile Glu Gln Ile Lys Cys Val Glu
385 390 395 400

Gly Thr Gly Thr Tyr Gly Ala Ile Lys Arg Asp Tyr Gly Glu Asp Ser
405 410 415

Glu Lys Met Lys Lys Phe Tyr Glu Ala Leu Ala Leu Ile Ser Arg Asp
420 425 430

His Gly Arg Thr Pro Phe Pro Trp Ser Gly Glu Lys Pro Tyr Ala Gly
435 440 445

Phe Ser Lys Asn Ala Lys Pro Trp Ile Asp Ile Asn Glu Ser Phe Val
450 455 460

Glu Gly Ile Asn Ala Glu Ala Glu Leu Asn Asp Glu Asn Ser Val Phe
465 470 475 480

Phe Phe Trp Lys Arg Ala Leu Gln Val Arg Lys Glu His Lys Asn Met
485 490 495

Leu Val Tyr Gly Asp Asn Phe Gln Phe Tyr Asp Leu Asp Asn Glu Lys
500 505 510

Leu Phe Met Phe Thr Lys Asp Ser Gly Asp Lys Lys Met Phe Ala Val
515 520 525

Phe Asn Phe Cys Ser Asp Ser Thr Glu Phe Ser Val Pro Asp Asn Lys
530 535 540

ES 2 812 674 T3

Ala Ser Tyr Asp Met Phe Phe Gly Asn Tyr Ala Asn Ser Asp Gly Lys
545 550 555 560

Ser Tyr Thr Leu Lys Pro Trp Glu Gly Arg Leu Tyr Tyr Ser Asn
565 570 575

<210> 37

5 <211> 558

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 37

10

ES 2 812 674 T3

Asn	Ser	Thr	Glu	Arg	Tyr	Asn	Leu	Ser	Pro	Ser	Pro	Glu	Asp	Glu	Asp	1	5	10	15
Phe	Glu	Ala	Pro	Thr	Glu	Glu	Glu	Met	Gln	Thr	Leu	Arg	His	Val	Gly	20	25	30	
Gly	Lys	Ile	Pro	Met	Arg	Cys	Trp	Leu	Ile	Ala	Ile	Val	Glu	Leu	Ser	35	40	45	
Glu	Arg	Phe	Ser	Tyr	Tyr	Gly	Leu	Ser	Ala	Pro	Phe	Gln	Asn	Tyr	Met	50	55	60	
Glu	Tyr	Gly	Pro	Asn	Asp	Ser	Pro	Lys	Gly	Val	Leu	Ser	Leu	Asn	Ser	65	70	75	80
Gln	Gly	Ala	Thr	Gly	Leu	Ser	Tyr	Phe	Phe	Gln	Phe	Trp	Cys	Tyr	Val	85	90	95	
Thr	Pro	Val	Phe	Gly	Gly	Tyr	Val	Ala	Asp	Thr	Phe	Trp	Gly	Lys	Tyr	100	105	110	
Asn	Thr	Ile	Cys	Cys	Gly	Thr	Ala	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	Ile	Phe	Ile	115	120	125	
Leu	Phe	Ile	Thr	Ser	Ile	Pro	Ser	Val	Gly	Asn	Arg	Asp	Ser	Ala	Ile	130	135	140	
Gly	Gly	Phe	Ile	Ala	Ala	Ile	Ile	Leu	Ile	Gly	Ile	Ala	Thr	Gly	Met	145	150	155	160
Ile	Lys	Ala	Asn	Leu	Ser	Val	Leu	Ile	Ala	Asp	Gln	Leu	Pro	Lys	Arg	165	170	175	
Lys	Pro	Ser	Ile	Lys	Val	Leu	Lys	Ser	Gly	Glu	Arg	Val	Ile	Val	Asp	180	185	190	

ES 2 812 674 T3

Ser Asn Ile Thr Leu Gln Asn Val Phe Met Phe Phe Tyr Phe Met Ile
 195 200 205
 Asn Val Gly Ser Leu Ser Leu Met Ala Thr Thr Glu Leu Glu Tyr His
 210 215 220
 Lys Gly Phe Trp Ala Ala Tyr Leu Leu Pro Phe Cys Phe Phe Trp Ile
 225 230 235 240
 Ala Val Val Thr Leu Ile Phe Gly Lys Lys Gln Tyr Ile Gln Arg Pro
 245 250 255
 Ile Gly Asp Lys Val Ile Ala Lys Ser Phe Lys Val Cys Trp Ile Leu
 260 265 270
 Thr Lys Asn Lys Phe Asp Phe Asn Ala Ala Lys Pro Ser Val His Pro
 275 280 285
 Glu Lys Asn Tyr Pro Trp Asn Asp Lys Phe Val Asp Glu Ile Lys Arg
 290 295 300
 Ala Leu Ala Ala Cys Lys Val Phe Ile Phe Tyr Pro Ile Tyr Trp Thr
 305 310 315 320
 Gln Tyr Gly Thr Met Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Ala Ser Met Met
 325 330 335
 Glu Leu His Gly Ile Pro Asn Asp Phe Leu Gln Ala Phe Asp Ser Ile
 340 345 350
 Ala Leu Ile Ile Phe Ile Pro Ile Phe Glu Lys Phe Val Tyr Pro Phe
 355 360 365
 Ile Arg Arg Tyr Thr Pro Leu Lys Pro Ile Thr Lys Ile Phe Phe Gly
 370 375 380
 Phe Met Phe Gly Ser Phe Ala Met Thr Trp Ala Ala Val Leu Gln Ser
 385 390 395 400
 Phe Val Tyr Lys Ala Gly Pro Trp Tyr Asn Glu Pro Leu Gly His Asn
 405 410 415
 Thr Pro Asn His Val His Val Cys Trp Gln Ile Pro Ala Tyr Val Leu
 420 425 430
 Ile Ser Phe Ser Glu Ile Phe Ala Ser Ile Thr Gly Leu Glu Tyr Ala
 435 440 445

ES 2 812 674 T3

Tyr Ser Lys Ala Pro Ala Ser Met Lys Ser Phe Ile Met Ser Ile Phe
450 455 460

Leu Leu Thr Asn Ala Phe Gly Ser Ala Ile Gly Cys Ala Leu Ser Pro
465 470 475 480

Val Thr Val Asp Pro Lys Phe Thr Trp Leu Phe Thr Gly Leu Ala Val
485 490 495

Ala Cys Phe Ile Ser Gly Cys Leu Phe Trp Leu Cys Phe Arg Lys Tyr
500 505 510

Asn Asp Thr Glu Glu Glu Met Asn Ala Met Asp Tyr Glu Glu Glu Asp
515 520 525

Glu Phe Asp Leu Asn Pro Ile Ser Ala Pro Lys Ala Asn Asp Ile Glu
530 535 540

Ile Leu Glu Pro Met Glu Ser Leu Arg Ser Thr Thr Lys Tyr
545 550 555

<210> 38

5 <211> 601

<212> PRT

<213> Levadura híbrida_7

<400> 38

10

ES 2 812 674 T3

Met Leu Asn His Leu Ser Gln Gly Ser Asp Asp Ile Gln Asp Glu Lys
1 5 10 15

Gln Gly Asp Phe Pro Val Ile Glu Glu Glu Lys Asn Gln Thr Val Thr
20 25 30

Leu Lys Asp Ser Tyr Val Ser Asp Asp Ala Ala Asn Ser Thr Glu His
35 40 45

Tyr Asn Leu Ser Pro Ser Leu Glu Glu Asp Glu Phe Glu Ala Pro Thr
50 55 60

Asp Glu Glu Leu Arg Ser Leu Arg His Val Gly Gly Lys Ile Pro Met
65 70 75 80

Arg Cys Trp Leu Ile Ala Ile Val Glu Leu Ser Glu Arg Phe Ser Tyr
85 90 95

Tyr Gly Leu Ser Ala Pro Phe Gln Asn Tyr Met Glu Tyr Gly Pro Lys
100 105 110

ES 2 812 674 T3

Asp	Thr	Pro	Lys	Gly	Val	Leu	Ser	Leu	Asn	Ser	Gln	Gly	Ala	Thr	Gly	115	120	125
Leu	Ser	Tyr	Phe	Phe	Gln	Phe	Trp	Cys	Tyr	Val	Thr	Pro	Val	Phe	Gly	130	135	140
Gly	Tyr	Val	Ala	Asp	Thr	Phe	Trp	Gly	Lys	Tyr	Asn	Thr	Ile	Cys	Cys	145	150	155
Gly	Thr	Ala	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	Ile	Phe	Ile	Leu	Leu	Ile	Thr	Ser	165	170	175
Ile	Pro	Ser	Val	Gly	Asn	Arg	Asp	Ser	Ala	Leu	Gly	Gly	Phe	Ile	Ala	180	185	190
Ser	Ile	Ile	Leu	Ile	Gly	Ile	Ala	Thr	Gly	Met	Ile	Lys	Ala	Asn	Leu	195	200	205
Ser	Val	Leu	Ile	Ala	Asp	Gln	Leu	Pro	Lys	Arg	Lys	Pro	Ser	Ile	Lys	210	215	220
Val	Leu	Lys	Ser	Gly	Glu	Arg	Val	Ile	Val	Asp	Ser	Asn	Ile	Thr	Leu	225	230	235
Gln	Asn	Val	Phe	Met	Phe	Phe	Tyr	Phe	Met	Ile	Asn	Val	Gly	Ser	Leu	245	250	255
Ser	Leu	Met	Ala	Thr	Thr	Glu	Leu	Glu	Tyr	His	Lys	Gly	Phe	Trp	Ala	260	265	270
Ala	Tyr	Leu	Leu	Pro	Phe	Cys	Phe	Phe	Trp	Val	Ala	Val	Val	Thr	Leu	275	280	285
Val	Phe	Gly	Lys	Lys	Gln	Tyr	Ile	Gln	Arg	Pro	Ile	Gly	Asp	Lys	Val	290	295	300
Ile	Ala	Lys	Ser	Phe	Arg	Val	Cys	Trp	Ile	Leu	Thr	Lys	Asn	Lys	Phe	305	310	315
Asp	Phe	Asn	Ala	Ala	Lys	Pro	Ser	Val	His	Pro	Glu	Lys	Glu	Tyr	Pro	325	330	335
Trp	Asn	Asp	Lys	Phe	Val	Asp	Glu	Ile	Lys	Arg	Ala	Leu	Ala	Ala	Cys	340	345	350
Lys	Val	Phe	Val	Phe	Tyr	Pro	Ile	Tyr	Trp	Thr	Gln	Tyr	Gly	Thr	Met			

ES 2 812 674 T3

355		360		365
Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Ala Gly Met Met Glu Leu His Gly Ile				
370		375		380
Pro Asn Asp Phe Leu Gln Ala Phe Asp Ser Ile Ala Leu Ile Ile Phe				
385		390		395
				400
Ile Pro Ile Phe Glu Lys Phe Ile Tyr Pro Phe Ile Arg Arg Tyr Thr				
		405		410
				415
Pro Phe Lys Pro Ile Thr Lys Ile Phe Phe Gly Phe Met Phe Gly Ser				
		420		425
				430
Leu Ala Met Thr Trp Ala Ala Val Leu Gln Ser Phe Val Tyr Lys Ala				
		435		440
				445
Gly Pro Trp Tyr Ser Ala Pro Leu Gly His Asn Thr Pro Asn His Val				
		450		455
				460
His Val Cys Trp Gln Ile Pro Ala Tyr Val Leu Ile Ser Phe Ser Glu				
		465		470
				475
				480
Ile Phe Ala Ser Ile Thr Gly Leu Glu Tyr Ala Tyr Ser Lys Ala Pro				
		485		490
				495
Ala Ser Met Lys Ser Phe Ile Met Ser Ile Phe Leu Leu Thr Asn Ala				
		500		505
				510
Phe Gly Ser Ala Ile Gly Cys Ala Leu Ser Pro Val Thr Val Asp Pro				
		515		520
				525
Lys Phe Thr Trp Leu Phe Thr Gly Leu Ala Val Ala Cys Phe Ile Ser				
		530		535
				540
Gly Cys Leu Phe Trp Phe Cys Phe Arg Lys Tyr Asn Asp Thr Glu Glu				
		545		550
				555
				560
Glu Met Asn Ala Met Asp Tyr Glu Glu Glu Asp Glu Phe Asp Leu Asn				
		565		570
				575
Pro Ile Ser Gln Pro Lys Gly Asn Asp Ile Glu Ile Leu Glu Pro Met				
		580		585
				590
Gly Ser Leu Lys Ser Thr Thr Lys Tyr				
		595		600

<210> 39
<211> 543
<212> PRT
5 <213> Levadura híbrida_7

<400> 39

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Ala Lys Val Ala Met Val Val Cys Tyr Ala Val Met Ile Val Leu Leu
485 490 495

Ser Ile Leu Leu Ile Val Asn Leu Arg Glu Asn Lys Arg Arg Asp Lys
500 505 510

Ile Ala Ala Glu Arg Gly Phe Pro Glu Glu Thr Glu Asn Leu Glu Phe
515 520 525

Ser Asp Leu Thr Asp Phe Glu Asn Pro Asn Phe Arg Tyr Thr Leu
530 535 540

<210> 40

5 <211> 543

<212> PRT

<213> Levadura híbrida_7

<400> 40

10

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Val Trp Gly Leu Leu Leu Ala Leu His Ala Val Pro Ser Val Lys Tyr
 165 170 175
 Ser Ser Phe Ile Ala Leu Arg Val Leu Leu Gly Cys Ala Glu Ser Val
 180 185 190
 Val Thr Pro Cys Phe Thr Ile Ile Thr Ala Gln Tyr Trp Lys Thr Glu
 195 200 205
 Glu Gln Phe Thr Arg Ile Ser Ile Trp Phe Gly Met Asn Gly Leu Gly
 210 215 220
 Ser Ile Leu Ile Asn Ala Ile Ala Tyr Gly Val Tyr Ile His Gln Glu
 225 230 235 240
 Ser Tyr Ala Ile Lys Gly Trp Arg Ala Leu Phe Val Ile Thr Gly Val
 245 250 255
 Ile Thr Ile Phe Val Gly Ala Leu Ile Phe Leu Trp Ile Pro Asp Asp
 260 265 270
 Pro Ser Lys Ala Arg Phe Leu Ser Lys Arg Glu Lys Leu Met Val Val
 275 280 285
 Gln Arg Ile Arg Ser Asn Gln Gln Gly Phe Gly Asn His Glu Ile Lys
 290 295 300
 Lys Tyr Gln Ile Val Glu Ala Leu Lys Asp Val Arg Thr Trp Leu Tyr
 305 310 315 320
 Phe Leu Phe Thr Val Ser Ser Asn Ile Pro Asn Gly Gly Ile Ser Ser
 325 330 335
 Phe Met Ser Ile Leu Leu Asn Ser Asp Phe Gly Tyr Leu Ser Lys Asp
 340 345 350
 Thr Leu Leu Met Gly Leu Pro Thr Gly Ala Val Glu Leu Val Gly Cys
 355 360 365
 Pro Leu Phe Gly Ile Leu Ala Val Tyr Ala Ala Asn Lys Lys Ile Pro
 370 375 380
 Phe Trp Lys Tyr Lys Leu Ala Trp Ala Ile Phe Ala Ala Val Leu Ala
 385 390 395 400
 Leu Ile Ala Ser Cys Met Leu Gly Phe Ala Thr Ser Ser Lys Lys Ala
 405 410 415

ES 2 812 674 T3

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

Cys Val Leu Ser Asn Ile Ser Ala Asn Ser Ser Gly Tyr Ser Lys Lys
435 440 445

Trp Thr Val Ser Ser Ile Asn Leu Ala Ala Tyr Ala Ala Ala Asn Leu
450 455 460

Ala Gly Pro Gln Thr Phe Ile Ala Lys Gln Ala Pro Lys Tyr His Gly
465 470 475 480

Ala Lys Val Ala Met Val Val Cys Tyr Ala Val Met Ile Val Leu Leu
485 490 495

Ser Ala Leu Leu Leu Ile Asn Met Arg Glu Asn Lys Arg Arg Asp Lys
500 505 510

Ile Ala Ala Glu Arg Gly Tyr Pro Glu Glu Thr Ala Asn Leu Glu Phe
515 520 525

Ser Asp Leu Thr Asp Phe Glu Asn Pro Asn Phe Arg Tyr Thr Leu
530 535 540

<210> 41

5 <211> 828

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 7

<400> 41

10

ES 2 812 674 T3

Met Ser Val Ala Asp Asp Asp Leu Gly Ser Leu Gln Gly His Ile Arg
1 5 10 15

Arg Thr Leu Arg Ser Ile His Asn Leu Pro Tyr Phe Arg Tyr Thr Arg
20 25 30

Gly Pro Thr Glu Arg Ala Asp Met Ser Arg Ala Leu Lys Glu Phe Ile
35 40 45

Tyr Arg Tyr Leu Tyr Phe Val Ile Ser Asn Ser Gly Glu Asn Leu Pro
50 55 60

Thr Leu Phe Asn Ala His Pro Lys Gln Lys Leu Ser Asn Pro Glu Leu
65 70 75 80

Thr Val Phe Pro Asp Ser Leu Glu Asp Ala Val Asp Ile Asp Lys Ile
85 90 95

ES 2 812 674 T3

Thr Ser Gln Gln Thr Ile Pro Phe Tyr Lys Ile Asp Glu Ser Arg Ile
 100 105 110

Gly Asp Val His Lys His Thr Gly Arg Asn Cys Gly Arg Lys Phe Lys
 115 120 125

Ile Gly Glu Pro Leu Tyr Arg Cys His Glu Cys Gly Cys Asp Asp Thr
 130 135 140

Cys Val Leu Cys Ile His Cys Phe Asn Pro Lys Asp His Val Asn His
 145 150 155 160

His Val Cys Thr Asp Ile Cys Thr Glu Phe Thr Ser Gly Ile Cys Asp
 165 170 175

Cys Gly Asp Glu Glu Ala Trp Asn Ser Pro Leu His Cys Lys Ala Glu
 180 185 190

Glu Gln Glu Asn Asp Ile Ser Glu Asp Pro Ala Thr Asn Ala Asp Ile
 195 200 205

Lys Glu Glu Asp Val Trp Asn Asp Ser Val Asn Ile Ala Leu Val Glu
 210 215 220

Leu Val Leu Ala Glu Val Phe Asp Tyr Phe Ile Asp Val Phe Asn Gln
 225 230 235 240

Asn Ile Glu Pro Leu Pro Thr Ile Gln Lys Asp Ile Thr Ile Lys Leu
 245 250 255

Arg Glu Met Thr Gln Gln Gly Lys Met Tyr Glu Arg Ala Gln Phe Leu
 260 265 270

Asn Asp Leu Lys Tyr Glu Asn Asp Tyr Met Phe Asp Gly Thr Thr Thr
 275 280 285

Ala Lys Thr Ser Pro Ser Asn Ser Pro Glu Ala Ser Pro Ser Leu Ala
 290 295 300

Lys Ile Asp Pro Glu Asn Tyr Thr Val Ile Ile Tyr Asn Asp Glu Tyr
 305 310 315 320

His Asn Tyr Ser Gln Ala Thr Thr Ala Leu Arg Gln Gly Val Pro Asp
 325 330 335

Asn Val His Ile Asp Leu Leu Thr Ser Arg Ile Asp Gly Glu Gly Arg

ES 2 812 674 T3

340	345	350
Ala Met Leu Lys Cys Ser Gln Asp Ser Ser Ser Val Leu Gly Gly Phe 355 360 365		
Phe Ala Val Gln Thr Asn Gly Leu Ser Ala Thr Leu Thr Ser Trp Ser 370 375 380		
Glu Tyr Leu His Gln Glu Thr Cys Lys Tyr Ile Ile Leu Trp Ile Thr 385 390 395 400		
His Cys Leu Asn Ile Pro Asn Ser Ser Phe Gln Thr Thr Phe Arg Asn 405 410 415		
Met Met Gly Lys Thr Leu Cys Ser Glu Tyr Leu Asn Ala Thr Glu Cys 420 425 430		
Arg Asp Met Thr Pro Val Val Glu Lys Tyr Phe Ser Asn Lys Phe Asp 435 440 445		
Lys Asn Asp Pro Tyr Arg Tyr Ile Asp Leu Ser Ile Leu Ala Asp Gly 450 455 460		
Asn Gln Ile Pro Leu Gly His His Lys Ile Leu Pro Glu Ser Ser Thr 465 470 475 480		
His Ser Leu Ser Pro Leu Ile Asn Asp Val Glu Thr Pro Thr Ser Arg 485 490 495		
Thr Tyr Ser Asn Thr Arg Leu Gln His Ile Leu Tyr Phe Asp Asn Arg 500 505 510		
Tyr Trp Lys Arg Leu Arg Lys Asp Ile Gln Asn Val Ile Ile Pro Thr 515 520 525		
Leu Ala Ser Ser Asn Leu Tyr Lys Pro Ile Phe Cys Gln Gln Val Val 530 535 540		
Glu Ile Phe Asn His Ile Thr Arg Ser Val Ala Tyr Met Asp Arg Glu 545 550 555 560		
Pro Gln Leu Thr Ala Ile Arg Glu Cys Val Val Gln Leu Phe Thr Cys 565 570 575		
Pro Thr Asn Ala Lys Asn Ile Phe Glu Asn Gln Ser Phe Leu Asp Ile 580 585 590		

ES 2 812 674 T3

Val Trp Ser Ile Ile Asp Ile Phe Lys Glu Phe Cys Lys Val Glu Gly
 595 600 605
 Gly Val Leu Ile Trp Gln Arg Val Gln Lys Ser Asn Leu Thr Lys Ser
 610 615 620
 Tyr Ser Ile Ser Phe Lys Gln Gly Leu Tyr Thr Val Glu Thr Leu Leu
 625 630 635 640
 Ser Lys Val His Asp Pro Asn Ile Pro Leu Arg Pro Lys Glu Ile Ile
 645 650 655
 Ser Leu Leu Thr Leu Cys Lys Leu Phe Asn Gly Ala Trp Lys Ile Lys
 660 665 670
 Arg Lys Glu Gly Glu His Val Leu His Glu Asp Gln Asn Phe Ile Ser
 675 680 685
 Tyr Leu Glu Tyr Thr Thr Ser Ile Tyr Ser Ile Ile Gln Thr Ala Glu
 690 695 700
 Lys Val Ser Glu Lys Ser Lys Asp Ser Ile Asp Ser Lys Leu Phe Leu
 705 710 715 720
 Asn Ala Ile Arg Ile Ile Ser Ser Phe Leu Gly Asn Arg Ser Leu Thr
 725 730 735
 Tyr Lys Leu Ile Tyr Asp Ser His Glu Val Ile Lys Phe Ser Val Ser
 740 745 750
 His Glu Arg Val Ala Phe Met Asn Pro Leu Gln Thr Met Leu Ser Phe
 755 760 765
 Leu Ile Glu Lys Val Ser Leu Lys Asp Ala Tyr Glu Ala Leu Glu Asp
 770 775 780
 Cys Ser Asp Phe Leu Lys Ile Ser Asp Phe Ser Leu Arg Ser Val Val
 785 790 795 800
 Leu Cys Ser Gln Ile Asp Val Gly Phe Trp Val Arg Asn Gly Met Ser
 805 810 815
 Val Leu His Gln Ala Ser Tyr Tyr Lys Asn Asn Pro
 820 825

<210> 42
<211> 1950
<212> PRT
5 <213> Levadura híbrida_7

<400> 42

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

740					745					750					
His	Glu	Arg	Val	Ala	Phe	Met	Asn	Pro	Ile	Gln	Thr	Met	Leu	Ser	Phe
		755					760					765			
Leu	Ile	Glu	Lys	Val	Ser	Leu	Lys	Asp	Ala	Tyr	Glu	Ser	Leu	Glu	Asn
	770					775					780				
Cys	Pro	Asp	Phe	Leu	Lys	Ile	Ala	Asp	Phe	Ser	Leu	Arg	Ser	Val	Val
785					790					795					800
Leu	Cys	Ser	Gln	Ile	Asp	Val	Gly	Phe	Trp	Val	Arg	Asn	Gly	Met	Ser
			805						810					815	
Val	Leu	His	Gln	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Lys	Asn	Asn	Pro	Glu	Leu	Gly	Ser
			820					825					830		
Tyr	Ser	Arg	Asp	Ile	His	Leu	Asn	Gln	Leu	Ala	Ile	Ile	Trp	Glu	Arg
		835					840					845			
Asp	Asp	Leu	Pro	Arg	Val	Ile	Tyr	Asn	Ile	Leu	Asp	Arg	Trp	Glu	Leu
	850					855					860				
Leu	Asp	Trp	Phe	Met	Gly	Glu	Ala	Glu	Tyr	Gln	His	Thr	Val	Tyr	Glu
865					870					875					880
Asp	Lys	Ile	Ser	Phe	Met	Ile	Gln	Gln	Phe	Ile	Ala	Phe	Ile	Tyr	Gln
				885					890					895	
Ile	Leu	Thr	Glu	Arg	Gln	Tyr	Phe	Lys	Thr	Phe	Ser	Leu	Leu	Arg	Asp
			900					905					910		
Arg	Arg	Met	Asp	Met	Ile	Lys	Asn	Ser	Ile	Met	Tyr	Asn	Leu	Tyr	Met
		915					920					925			
Lys	Pro	Leu	Ser	Tyr	Ser	Lys	Leu	Leu	Lys	Ser	Val	Pro	Asp	Tyr	Leu
	930					935					940				
Thr	Asp	Asp	Thr	Thr	Glu	Phe	Asp	Glu	Ala	Leu	Glu	Glu	Val	Ser	Val
945					950					955					960
Phe	Val	Glu	Pro	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Asn	Gly	Val	Phe	Lys	Leu	Lys
				965					970					975	
Ala	Ala	Leu	Tyr	Ala	Lys	Ile	Asp	Pro	Leu	Lys	Leu	Leu	Asn	Leu	Glu
			980					985					990		

ES 2 812 674 T3

Asn	Glu	Phe	Glu	Ser	Ser	Ala	Thr	Ile	Ile	Lys	Thr	His	Leu	Ala	Lys
		995					1000					1005			
Asn	Lys	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Val	Val	Leu	Ile	Pro	Gln	Val	Ser	
	1010					1015					1020				
Thr	Lys	Leu	Leu	Asp	Lys	Gly	Ala	Met	Asn	Leu	Gly	Glu	Phe	Thr	
	1025					1030					1035				
Arg	Asn	Thr	Val	Phe	Ala	Lys	Val	Ile	Tyr	Lys	Leu	Leu	Gln	Val	
	1040					1045					1050				
Cys	Leu	Asp	Met	Glu	Asp	Ser	Thr	Phe	Leu	Asn	Glu	Leu	Leu	His	
	1055					1060					1065				
Leu	Val	His	Gly	Ile	Phe	Lys	Asp	Asp	Glu	Leu	Ile	Asn	Gly	Lys	
	1070					1075					1080				
Asp	Ser	Ile	Pro	Glu	Ala	Tyr	Leu	Ala	Lys	Pro	Ile	Cys	Asn	Leu	
	1085					1090					1095				
Leu	Leu	Ser	Ile	Ala	Asn	Ala	Lys	Ser	Asp	Ile	Phe	Ser	Glu	Ser	
	1100					1105					1110				
Ile	Val	Arg	Lys	Ala	Asp	Tyr	Leu	Leu	Glu	Lys	Met	Ile	Met	Lys	
	1115					1120					1125				
Lys	Pro	Asp	Glu	Ile	Phe	Glu	Ser	Leu	Ile	Ala	Ser	Phe	Gly	Asn	
	1130					1135					1140				
Gln	Tyr	Ile	Asp	Asn	Tyr	Lys	Asp	Lys	Lys	Leu	Ser	Gln	Gly	Val	
	1145					1150					1155				
Asn	Leu	Gln	Glu	Thr	Glu	Lys	Glu	Arg	Lys	Arg	Arg	Met	Ala	Lys	
	1160					1165					1170				
Lys	His	Gln	Ala	Arg	Leu	Leu	Ala	Lys	Phe	Asn	Asn	Gln	Gln	Ser	
	1175					1180					1185				
Lys	Phe	Met	Lys	Glu	His	Glu	Ser	Glu	Phe	Asp	Glu	Gln	Asp	Asn	
	1190					1195					1200				
Asp	Val	Asp	Met	Asp	Gly	Glu	Lys	Val	Tyr	Glu	Ser	Glu	Asp	Phe	
	1205					1210					1215				
Thr	Cys	Ala	Leu	Cys	Gln	Asp	Ser	Ser	Ser	Thr	Asp	Phe	Phe	Val	
	1220					1225					1230				

ES 2 812 674 T3

Ile Pro	Ala Tyr His Asp	His	Thr Pro Ile Phe Arg	Pro Gly Asn
1235		1240		1245
Ile Phe	Asn Pro Arg Glu Phe	Met Ala Lys Trp Asp	Gly Phe Tyr	
1250		1255	1260	
Asn Asp	Asp Asp Lys Gln Ala	Tyr Ile Asp Asp Glu	Val Leu Glu	
1265		1270	1275	
Ser Leu	Lys Glu Asn Gly Thr	Arg Gly Ser Arg Lys	Val Phe Val	
1280		1285	1290	
Ser Cys	Asn His His Ile His	His Asn Cys Phe Lys	Arg Tyr Val	
1295		1300	1305	
Gln Lys	Lys Arg Phe Ser Ser	Asn Ala Phe Ile Cys	Pro Leu Cys	
1310		1315	1320	
Gln Thr	Phe Ser Asn Cys Thr	Leu Pro Ile Cys Pro	Thr Ser Arg	
1325		1330	1335	
Ala Asn	Thr Gly Leu Ser Leu	Asp Met Phe Leu Lys	Ser Glu Leu	
1340		1345	1350	
Ser Leu	Asp Ile Leu Ser Arg	Leu Phe Lys Pro Phe	Thr Glu Asp	
1355		1360	1365	
Asn Tyr	Arg Thr Ile Asn Ser	Ile Phe Ser Leu Met	Val Ser Gln	
1370		1375	1380	
Cys Gln	Gly Phe Asp Lys Val	Val Arg Lys His Val	Asn Phe Thr	
1385		1390	1395	
His Lys	Asp Val Ser Leu Val	Leu Ser Val His Trp	Ala Asn Thr	
1400		1405	1410	
Ile Ser	Met Leu Glu Val Ala	Ser Arg Leu Glu Lys	Pro His Asn	
1415		1420	1425	
Ile Ser	Phe Phe Arg Ser Arg	Glu Gln Lys Tyr Lys	Thr Leu Lys	
1430		1435	1440	
Asn Ile	Leu Ile Cys Ile Met	Leu Phe Thr Phe Val	Ile Gly Lys	
1445		1450	1455	
Pro Ser	Met Glu Phe Glu Pro	Tyr Pro Val Glu Ser	Asp Ile Ile	
1460		1465	1470	

Cys	Asn	Gln	Asn	Gln	Leu	Phe	Gln	Tyr	Ile	Val	Arg	Lys	Ser	Leu
1475						1480					1485			
Phe	Ser	Pro	Ala	Ser	Leu	Arg	Glu	Thr	Ile	Thr	Glu	Ala	Leu	Thr
1490						1495					1500			
Val	Phe	Cys	Lys	Gln	Phe	Leu	Asp	Asp	Phe	Val	Gln	Gly	Leu	Ser
1505						1510					1515			
Asp	Ala	Glu	Gln	Val	Asp	Lys	Leu	Tyr	Thr	Glu	Ala	Lys	Lys	Leu
1520						1525					1530			
Gly	Asp	Val	Tyr	Asn	Val	Asp	Glu	Ser	Ile	Leu	Ile	Thr	Leu	Met
1535						1540					1545			
Ser	Ile	Thr	Val	Val	Lys	Thr	Glu	Gly	Leu	Glu	Ser	Arg	Ser	Ile
1550						1555					1560			
Tyr	Asp	Leu	Ala	Tyr	Thr	Ser	Leu	Leu	Lys	Ser	Leu	Leu	Pro	Thr
1565						1570					1575			
Ile	Arg	Arg	Cys	Leu	Val	Met	Val	Lys	Val	Leu	His	Glu	Leu	Val
1580						1585					1590			
Lys	Asp	Ser	Glu	Asn	Glu	Thr	Met	Val	Ile	Asp	Gly	Phe	Asp	Val
1595						1600					1605			
Glu	Glu	Glu	Leu	Glu	Phe	Glu	Gly	Leu	Pro	Gly	Phe	Val	Asp	Lys
1610						1615					1620			
Ala	Leu	Lys	Leu	Ile	Thr	Asp	Lys	Glu	Ser	Phe	Val	Asp	Leu	Phe
1625						1630					1635			
Lys	Thr	Lys	Gln	Ala	Ile	Val	Pro	Ser	His	Pro	Tyr	Leu	Glu	Arg
1640						1645					1650			
Ile	Pro	Tyr	Glu	Tyr	Cys	Gly	Ile	Val	Lys	Leu	Ile	Asp	Leu	Ser
1655						1660					1665			
Lys	Phe	Leu	Asn	Thr	Tyr	Val	Thr	Gln	Ser	Lys	Glu	Ile	Lys	Leu
1670						1675					1680			
Arg	Glu	Glu	Arg	Ser	Gln	His	Met	Lys	Asn	Ala	Asp	Asn	Arg	Leu
1685						1690					1695			
Asp	Phe	Lys	Ile	Cys	Leu	Thr	Cys	Gly	Val	Lys	Val	His	Leu	Arg

ES 2 812 674 T3

1700		1705		1710
Ala Asp 1715	Arg His Glu Met	Thr Lys His Leu Asn 1720	Lys Asn Cys Phe 1725	
Lys Ser 1730	Phe Gly Ala Phe	Leu Met Pro Asn Ser 1735	Ser Glu Val Cys 1740	
Leu His 1745	Leu Thr Gln Pro	Pro Ser Asn Ile Phe 1750	Val Ser Ala Pro 1755	
Tyr Leu 1760	Asn Ser His Gly	Glu Val Gly Arg Asn 1765	Ala Met Arg Arg 1770	
Gly Asp 1775	Leu Thr Thr Leu	Asn Leu Lys Arg Tyr 1780	Glu His Leu Asn 1785	
Arg Leu 1790	Trp Ile Asn Asn	Glu Ile Pro Gly Tyr 1795	Ile Ser Arg Val 1800	
Met Gly 1805	Asp Glu Phe Arg	Val Thr Ile Leu Ser 1810	Asn Gly Phe Leu 1815	
Phe Ala 1820	Phe Asn Arg Glu	Pro Arg Pro Arg Arg 1825	Val Pro Pro Thr 1830	
Asp Glu 1835	Asp Asp Glu Asp	Met Glu Glu Gly Glu 1840	Glu Gly Phe Phe 1845	
Thr Glu 1850	Glu Asn Asp Asp	Met Asp Val Asp Asp 1855	Glu Thr Gly Gln 1860	
Ala Ala 1865	Asn Leu Phe Gly	Val Gly Ala Glu Gly 1870	Ile Gly Asp Gly 1875	
Gly Val 1880	Arg Asn Phe Phe	Gln Phe Phe Glu Asn 1885	Phe Arg Asn Thr 1890	
Leu Gln 1895	Pro Gln Gly Asn	Asp Asp Glu Asp Ala 1900	Pro Gln Asn Pro 1905	
Pro Pro 1910	Ile Leu Gln Phe	Leu Gly Pro Gln Phe 1915	Asp Gly Ala Thr 1920	
Ile Ile 1925	Arg Asn Thr Asn	Gln Arg Asn Leu Asp 1930	Glu Asp Asp Ser 1935	

ES 2 812 674 T3

Ser	Glu	Asn	Asp	Asp	Ser	Asp	Glu	Arg	Glu	Ile	Trp
1940						1945					1950

<210> 43

5 <211> 601

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 43

10

ES 2 812 674 T3

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

ES 2 812 674 T3

Ser Val Leu Ile Ala Asp Gln Leu Pro Lys Arg Lys Pro Ser Ile Lys
 210 215 220

Val Leu Lys Ser Gly Glu Arg Val Ile Val Asp Ser Asn Ile Thr Leu
 225 230 235 240

Gln Asn Val Phe Met Phe Phe Tyr Phe Met Ile Asn Val Gly Ser Leu
 245 250 255

Ser Leu Met Ala Thr Thr Glu Leu Glu Tyr His Lys Gly Phe Trp Ala
 260 265 270

Ala Tyr Leu Leu Pro Phe Cys Phe Phe Trp Ile Ala Val Val Thr Leu
 275 280 285

Ile Phe Gly Lys Lys Gln Tyr Ile Gln Arg Pro Ile Gly Asp Lys Val
 290 295 300

Ile Ala Lys Ser Phe Lys Val Cys Trp Ile Leu Thr Lys Asn Lys Phe
 305 310 315 320

Asp Phe Asn Ala Ala Lys Pro Ser Val His Pro Glu Lys Asn Tyr Pro
 325 330 335

Trp Asn Asp Lys Phe Val Asp Glu Ile Lys Arg Ala Leu Ala Ala Cys
 340 345 350

Lys Val Phe Ile Phe Tyr Pro Ile Tyr Trp Thr Gln Tyr Gly Thr Met
 355 360 365

Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Ala Ser Met Met Glu Leu His Gly Ile
 370 375 380

Pro Asn Asp Phe Leu Gln Ala Phe Asp Ser Ile Ala Leu Ile Ile Phe
 385 390 395 400

Ile Pro Ile Phe Glu Lys Phe Val Tyr Pro Phe Ile Arg Arg Tyr Thr
 405 410 415

Pro Leu Lys Pro Ile Thr Lys Ile Phe Val Gly Phe Met Phe Gly Ser
 420 425 430

Phe Ala Met Thr Trp Ala Ala Val Leu Gln Ser Phe Val Tyr Lys Ala
 435 440 445

Gly Pro Trp Tyr Asn Glu Pro Leu Gly His Asn Thr Pro Asn His Val
 450 455 460

His Val Cys Trp Gln Ile Pro Ala Tyr Val Leu Ile Ser Phe Ser Glu
465 470 475 480

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

Ala Ser Met Lys Ser Phe Ile Met Ser Ile Phe Leu Leu Thr Asn Ala
500 505 510

Phe Gly Ser Ala Ile Gly Cys Ala Leu Ser Pro Val Thr Val Asp Pro
515 520 525

Lys Phe Thr Trp Leu Phe Thr Gly Leu Ala Val Ala Cys Phe Ile Ser
530 535 540

Gly Cys Leu Phe Trp Leu Cys Phe Arg Lys Tyr Asn Asp Thr Glu Glu
545 550 555 560

Glu Met Asn Ala Met Asp Tyr Glu Glu Glu Asn Glu Phe Asp Leu Asn
565 570 575

Pro Ile Ser Ala Pro Lys Ala Asn Asp Ile Glu Ile Leu Glu Pro Met
580 585 590

Asp Ser Leu Arg Ser Thr Thr Lys Tyr
595 600

<210> 44

5 <211> 601

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 44

10

ES 2 812 674 T3

Met Leu Asn His Leu Ser Gln Gly Ser Asp Asp Ile Gln Asp Glu Lys
1 5 10 15

Gln Gly Asp Phe Pro Val Ile Glu Glu Glu Lys Asn Gln Thr Val Thr
20 25 30

Leu Lys Asp Ser Tyr Val Ser Asp Asp Ala Ala Asn Ser Thr Glu His
35 40 45

Tyr Asn Leu Ser Pro Ser Leu Glu Glu Asp Glu Phe Glu Ala Pro Thr
50 55 60

Asp Glu Glu Leu Arg Ser Leu Arg His Val Gly Gly Lys Ile Pro Met
65 70 75 80

ES 2 812 674 T3

Arg Cys Trp Leu Ile Ala Ile Val Glu Leu Ser Glu Arg Phe Ser Tyr
 85 90 95
 Tyr Gly Leu Ser Ala Pro Phe Gln Asn Tyr Met Glu Tyr Gly Pro Lys
 100 105 110
 Asp Thr Pro Lys Gly Val Leu Ser Leu Asn Ser Gln Gly Ala Thr Gly
 115 120 125
 Leu Ser Tyr Phe Phe Gln Phe Trp Cys Tyr Val Thr Pro Val Phe Gly
 130 135 140
 Gly Tyr Val Ala Asp Thr Phe Trp Gly Lys Tyr Asn Thr Ile Cys Cys
 145 150 155 160
 Gly Thr Ala Ile Tyr Ile Ala Gly Ile Phe Ile Leu Leu Ile Thr Ser
 165 170 175
 Ile Pro Ser Val Gly Asn Arg Asp Ser Ala Leu Gly Gly Phe Ile Ala
 180 185 190
 Ser Ile Ile Leu Ile Gly Ile Ala Thr Gly Met Ile Lys Ala Asn Leu
 195 200 205
 Ser Val Leu Ile Ala Asp Gln Leu Pro Lys Arg Lys Pro Ser Ile Lys
 210 215 220
 Val Leu Lys Ser Gly Glu Arg Val Ile Val Asp Ser Asn Ile Thr Leu
 225 230 235 240
 Gln Asn Val Phe Met Phe Phe Tyr Phe Met Ile Asn Val Gly Ser Leu
 245 250 255
 Ser Leu Met Ala Thr Thr Glu Leu Glu Tyr His Lys Gly Phe Trp Ala
 260 265 270
 Ala Tyr Leu Leu Pro Phe Cys Phe Phe Trp Val Ala Val Val Thr Leu
 275 280 285
 Val Phe Gly Lys Lys Gln Tyr Ile Gln Arg Pro Ile Gly Asp Lys Val
 290 295 300
 Ile Ala Lys Ser Phe Arg Val Cys Trp Ile Leu Thr Lys Asn Lys Phe
 305 310 315 320
 Asp Phe Asn Ala Ala Lys Pro Ser Val His Pro Glu Lys Glu Tyr Pro
 325 330 335

ES 2 812 674 T3

Trp Asn Asp Lys Phe Val Asp Glu Ile Lys Arg Ala Leu Ala Ala Cys
 340 345 350

Lys Val Phe Val Phe Tyr Pro Ile Tyr Trp Thr Gln Tyr Gly Thr Met
 355 360 365

Ile Ser Ser Phe Ile Thr Gln Ala Gly Met Met Glu Leu His Gly Ile
 370 375 380

Pro Asn Asp Phe Leu Gln Ala Phe Asp Ser Ile Ala Leu Ile Ile Phe
 385 390 395 400

Ile Pro Ile Phe Glu Lys Phe Ile Tyr Pro Phe Ile Arg Arg Tyr Thr
 405 410 415

Pro Phe Lys Pro Ile Thr Lys Ile Phe Phe Gly Phe Met Phe Gly Ser
 420 425 430

Leu Ala Met Thr Trp Ala Ala Val Leu Gln Ser Phe Val Tyr Lys Ala
 435 440 445

Gly Pro Trp Tyr Ser Ala Pro Leu Gly His Asn Thr Pro Asn His Val
 450 455 460

His Val Cys Trp Gln Ile Pro Ala Tyr Val Leu Ile Ser Phe Ser Glu
 465 470 475 480

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

Ala Ser Met Lys Ser Phe Ile Met Ser Ile Phe Leu Leu Thr Asn Ala
 500 505 510

Phe Gly Ser Ala Ile Gly Cys Ala Leu Ser Pro Val Thr Val Asp Pro
 515 520 525

Lys Phe Thr Trp Leu Phe Thr Gly Leu Ala Val Ala Cys Phe Ile Ser
 530 535 540

Gly Cys Leu Phe Trp Phe Cys Phe Arg Lys Tyr Asn Asp Thr Glu Glu
 545 550 555 560

Glu Met Asn Ala Met Asp Tyr Glu Glu Glu Asp Glu Phe Asp Leu Asn
 565 570 575

Pro Ile Ser Gln Pro Lys Gly Asn Asp Ile Glu Ile Leu Glu Pro Met

580

585

590

Gly Ser Leu Lys Ser Thr Thr Lys Tyr
595 600

<210> 45

5 <211> 361

<212> PRT

<213> Levadura híbrida 1

<400> 45

10

ES 2 812 674 T3

Met	Ser	Val	Ala	Asp	Asp	Asp	Leu	Gly	Ser	Leu	Gln	Gly	His	Ile	Arg	1	5	10	15
Arg	Thr	Leu	Arg	Ser	Ile	His	Asn	Leu	Pro	Tyr	Phe	Arg	Tyr	Thr	Arg	20	25	30	
Gly	Pro	Thr	Glu	Arg	Ala	Asp	Met	Ser	Arg	Ala	Leu	Lys	Glu	Phe	Ile	35	40	45	
Tyr	Arg	Tyr	Leu	Tyr	Phe	Val	Ile	Ser	Asn	Ser	Gly	Glu	Asn	Leu	Pro	50	55	60	
Thr	Leu	Phe	Asn	Ala	His	Pro	Lys	Gln	Lys	Leu	Ser	Asn	Pro	Glu	Leu	65	70	75	80
Thr	Val	Phe	Pro	Asp	Ser	Leu	Glu	Asp	Ala	Val	Asp	Ile	Asp	Lys	Ile	85	90	95	
Thr	Ser	Gln	Gln	Thr	Ile	Pro	Phe	Tyr	Lys	Ile	Asp	Glu	Ser	Arg	Ile	100	105	110	
Gly	Asp	Val	His	Lys	His	Thr	Gly	Arg	Asn	Cys	Gly	Arg	Lys	Phe	Lys	115	120	125	
Ile	Gly	Glu	Pro	Leu	Tyr	Arg	Cys	His	Glu	Cys	Gly	Cys	Asp	Asp	Thr	130	135	140	
Cys	Val	Leu	Cys	Ile	His	Cys	Phe	Asn	Pro	Lys	Asp	His	Val	Asn	His	145	150	155	160
His	Val	Cys	Thr	Asp	Ile	Cys	Thr	Glu	Phe	Thr	Ser	Gly	Ile	Cys	Asp	165	170	175	
Cys	Gly	Asp	Glu	Glu	Ala	Trp	Asn	Ser	Pro	Leu	His	Cys	Lys	Ala	Glu	180	185	190	
Glu	Gln	Glu	Asn	Asp	Ile	Ser	Glu	Asp	Pro	Ala	Thr	Asn	Ala	Asp	Ile				

ES 2 812 674 T3

195					200					205					
Lys	Glu	Glu	Asp	Val	Trp	Asn	Asp	Ser	Val	Asn	Ile	Ala	Leu	Val	Glu
210						215					220				
Leu	Val	Leu	Ala	Glu	Val	Phe	Asp	Tyr	Phe	Ile	Asp	Val	Phe	Asn	Gln
225					230					235					240
Asn	Ile	Glu	Pro	Leu	Pro	Thr	Ile	Gln	Lys	Asp	Ile	Thr	Ile	Lys	Leu
				245					250					255	
Arg	Glu	Met	Thr	Gln	Gln	Gly	Lys	Met	Tyr	Glu	Arg	Ala	Gln	Phe	Leu
			260					265					270		
Asn	Asp	Leu	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Tyr	Met	Phe	Asp	Gly	Thr	Thr	Thr
		275					280					285			
Ala	Lys	Thr	Ser	Pro	Ser	Asn	Ser	Pro	Glu	Ala	Ser	Pro	Ser	Leu	Ala
	290					295					300				
Lys	Ile	Asp	Pro	Glu	Asn	Tyr	Thr	Val	Ile	Ile	Tyr	Asn	Asp	Glu	Tyr
305					310					315					320
His	Asn	Tyr	Ser	Gln	Ala	Thr	Thr	Ala	Leu	Arg	Gln	Gly	Val	Pro	Asp
				325					330					335	
Asn	Val	His	Ile	Asp	Leu	Leu	Thr	Ser	Arg	Ile	Asp	Gly	Glu	Gly	Arg
			340					345					350		
Ala	Met	Leu	Lys	Cys	Ser	Gln	Asp	Leu							
	355						360								

REIVINDICACIONES

1. Una célula de levadura que tiene las características y los genotipos siguientes:
 - 5 característica II: capaz de utilizar panosa como única fuente de carbono; y
 genotipo IV: que comprende al menos 3 genes que codifican IMA1p, donde IMA1p se selecciona del grupo que
 consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13, IMA1p de SEQ ID NO: 14, IMA1p de SEQ ID
 NO: 15, IMA1p de SEQ ID NO: 21, IMA1p de SEQ ID NO: 22, IMA1p de SEQ ID NO: 23, IMA1p de SEQ ID NO:
 24, IMA1p de SEQ ID NO: 25 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al
 10 menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %
 de identidad de secuencia con las mismas; y
 genotipo VI: que comprende al menos 2 genes que codifican AGT1 seleccionada del grupo que consiste en AGT1
 de SEQ ID NO: 18, AGT1 de SEQ ID NO: 19, AGT1 de SEQ ID NO: 20, AGT1 de SEQ ID NO: 27, AGT1 de SEQ
 ID NO: 28, AGT1 de SEQ ID NO: 30, AGT1 de SEQ ID NO: 31, AGT1 de SEQ ID NO: 32 y homólogos funcionales
 15 de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más
 preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 % de identidad de secuencia con las mismas; y
 característica VIII: capaz de utilizar melibiosa como única fuente de carbono.
2. La célula de levadura según la reivindicación 1, donde la célula de levadura tiene además la característica:
 - 20 I. capaz de utilizar isomaltosa como única fuente de carbono.
3. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene
 además la(s) característica(s):
 - 25 III. capaz de utilizar uno o más dipéptidos como única fuente de nitrógeno y/o
 IV. capaz de utilizar uno o más tripéptidos como única fuente de nitrógeno.
4. La célula de levadura según la reivindicación 3, donde los dipéptidos se seleccionan del grupo que consiste
 30 en Met-Tyr, Leu-Tyr, Val-Met, Phe-Tyr, Ile-Leu, Ile-Asn, Gly-Arg, Lys-Tyr, Met-Lys, Val-Ala, Val-Asn, Val-Gly, Val-Gln,
 Val-Ser o Ala-Xaa, donde Xaa es cualquier aminoácido.
5. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene
 además la(s) característica(s):
 - 35 VI. capaz de generar al menos 4,7 por mil de etanol por °Plato cuando dicha célula de levadura se añade a una
 composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel
 de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones; y/o
 VII. capaz de fermentar azúcar con un grado real de fermentación de al menos 68, tal como al menos 70, cuando
 40 dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un contenido de azúcares de al menos
 10 °Plato y se incuba hasta que el nivel de diacetilo se encuentra dentro de las especificaciones.
6. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones 1-4, donde la célula de levadura es capaz
 además de fermentar azúcar con un GRF que es al menos 1 %, tal como al menos 2 %, superior al GRF de una de
 45 sus cepas precursoras.
7. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene
 además la característica:
 - 50 X. capaz de sedimentación de manera que, como máximo 12 millones, tal como un máximo de 10 millones, de
 células/ml están en suspensión cuando dicha célula de levadura se añade a una composición de mosto que tiene un
 contenido de azúcares de al menos 10 Plato y se incuba durante 4 días.
8. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene
 55 además la característica:
 - IX. capaz de utilizar uno o más disacáridos y/o trisacáridos además de isomaltosa, panosa y/o melibiosa
9. La célula de levadura según la reivindicación 8, donde el disacárido se selecciona del grupo que consiste en
 60 maltulosa, coibiosa, nigerosa, sucrosa, turanosa, leucrosa y palatinosa.
10. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene

además la característica

XI: capaz de fermentar mosto con un tiempo de fermentación primaria de como máximo 4 días, por ejemplo, como máximo 3 días.

5

11. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene el genotipo:

10 I. que comprende un gen que codifica DAL5, donde el gen alélico que codifica DAL5 codifica DAL5 que se selecciona del grupo que consiste en DAL5 de SEQ ID NO: 6, DAL5 de SEQ ID NO: 39, DAL5 de SEQ ID NO: 40 y homólogos funcionales de las mismas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con cualquiera de las antes mencionadas.

15 12. La célula de levadura de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene el genotipo:

20 II. que comprende al menos 2 genes alélicos que codifican PTR2, donde dichos al menos dos genes alélicos que codifican PTR2 se seleccionan individualmente del grupo que consiste en genes que codifican PTR2 de SEQ ID NO: 7, PTR2 de SEQ ID NO: 8, PTR2 de SEQ ID NO: 9, PTR2 de SEQ ID NO: 37, PTR2 de SEQ ID NO: 38, PTR2 de SEQ ID NO: 43, PTR2 de SEQ ID NO: 44 y homólogos funcionales de cada una de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

25 13. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene el genotipo:

30 III. que comprende un gen que codifica UBR1, donde UBR1 se selecciona, por ejemplo, del grupo que consiste en UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 10, UBR1 de SEQ ID NO: 11, UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 41, UBR1 de SEQ ID NO: 42, UBR1 que comprende la SEQ ID NO: 45 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

35 14. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene el genotipo:

40 IV. que comprende al menos 4 genes que codifican IMA1p, donde IMA1p se selecciona del grupo que consiste en IMA1p de SEQ ID NO: 12, IMA1p de SEQ ID NO: 13, IMA1p de SEQ ID NO: 14, IMA1p de SEQ ID NO: 15, IMA1p de SEQ ID NO: 21, IMA1p de SEQ ID NO: 22, IMA1p de SEQ ID NO: 23, IMA1p de SEQ ID NO: 24, IMA1p de SEQ ID NO: 25 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 % de identidad de secuencia con las mismas.

45 15. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene el genotipo

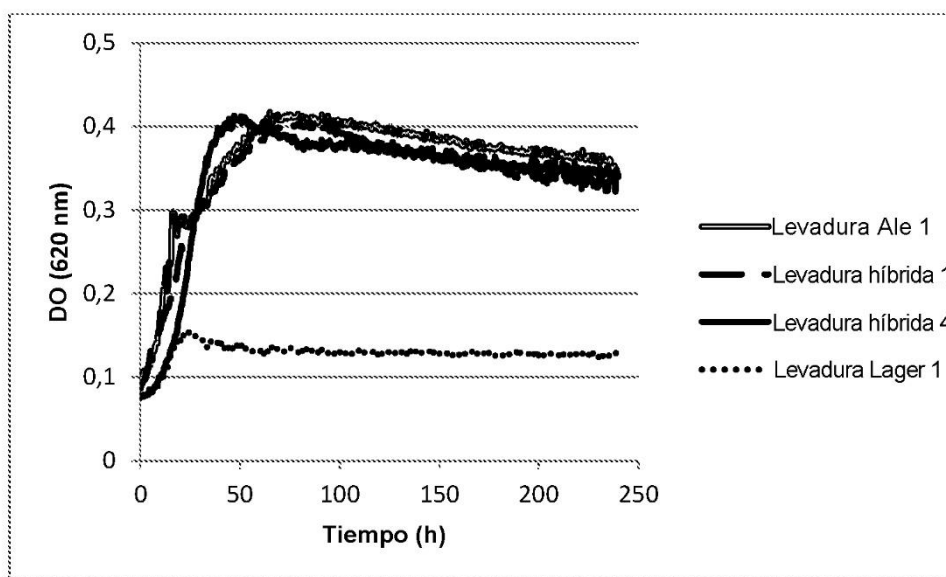
50 V. que comprende al menos un gen que codifica IMA5p, preferiblemente al menos dos genes alélicos que codifican IMA5p, donde IMA5p se selecciona, por ejemplo, del grupo que consiste en IMA5p de SEQ ID NO: 16, IMA5p de SEQ ID NO: 17, IMA5p de SEQ ID NO: 34, IMA5p de SEQ ID NO: 35, IMA5p de SEQ ID NO: 36 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 %, de identidad de secuencia con las mismas.

55 16. La célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, donde la célula de levadura tiene el genotipo:

60 VI. que comprende al menos 3 genes que codifican AGT1 seleccionada del grupo que consiste en AGT1 de SEQ ID NO: 18, AGT1 de SEQ ID NO: 19, AGT1 de SEQ ID NO: 20, AGT1 de SEQ ID NO: 26, AGT1 de SEQ ID NO: 27, AGT1 de SEQ ID NO: 28, AGT1 de SEQ ID NO: 29, AGT1 de SEQ ID NO: 30, AGT1 de SEQ ID NO: 31, AGT1 de SEQ ID NO: 32 y homólogos funcionales de cualquiera de las antes mencionadas que comparten al menos 80 %, preferiblemente al menos 90 %, aún más preferiblemente al menos 95 %, tal como al menos 98 % de identidad de secuencia con las mismas.

17. Un procedimiento para producir una bebida, comprendiendo dicho procedimiento las etapas de
- a. proporcionar un líquido de partida
 - b. proporcionar una célula de levadura según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 16
 - 5 c. fermentar dicho líquido de partida con dicha célula de levadura,
- produciendo de ese modo una bebida.

A)



B)

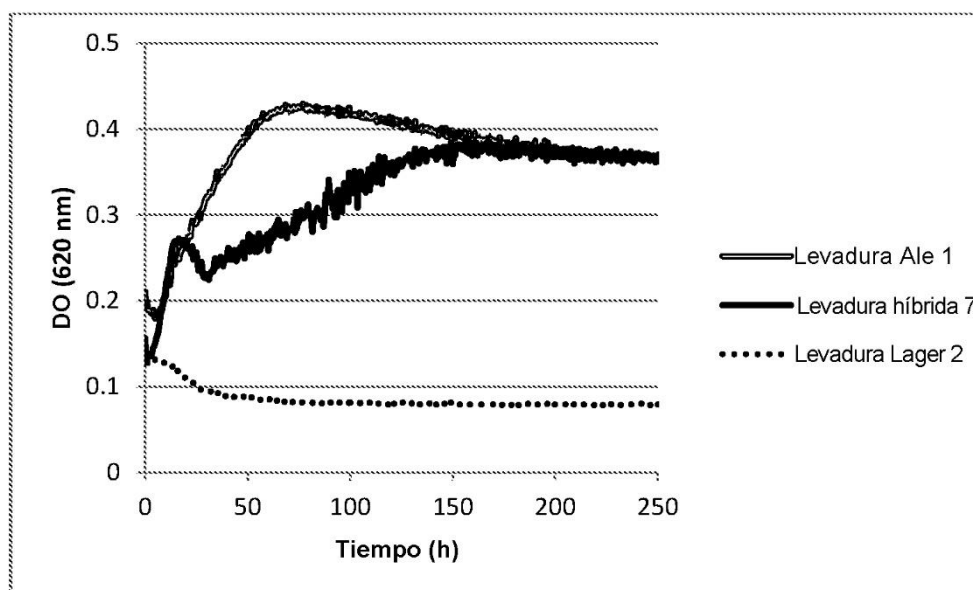


Fig. 1

C)

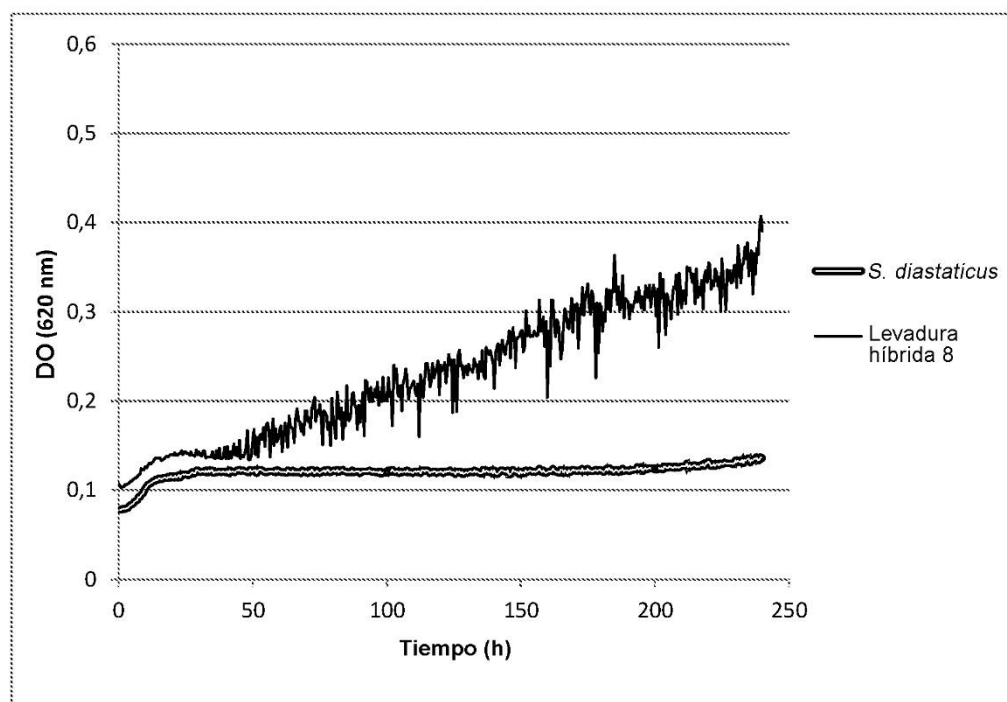
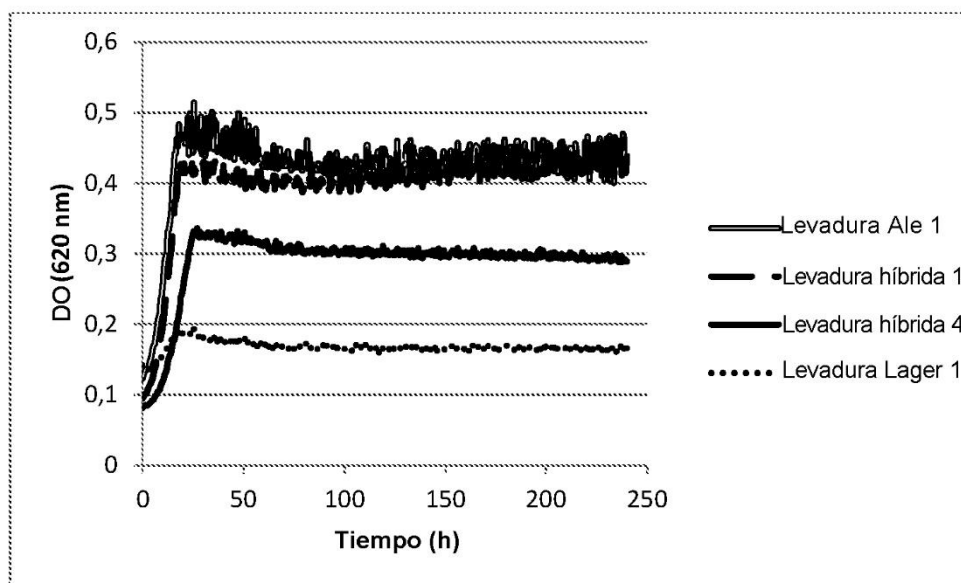


Fig. 1 - continuación

A)



B)

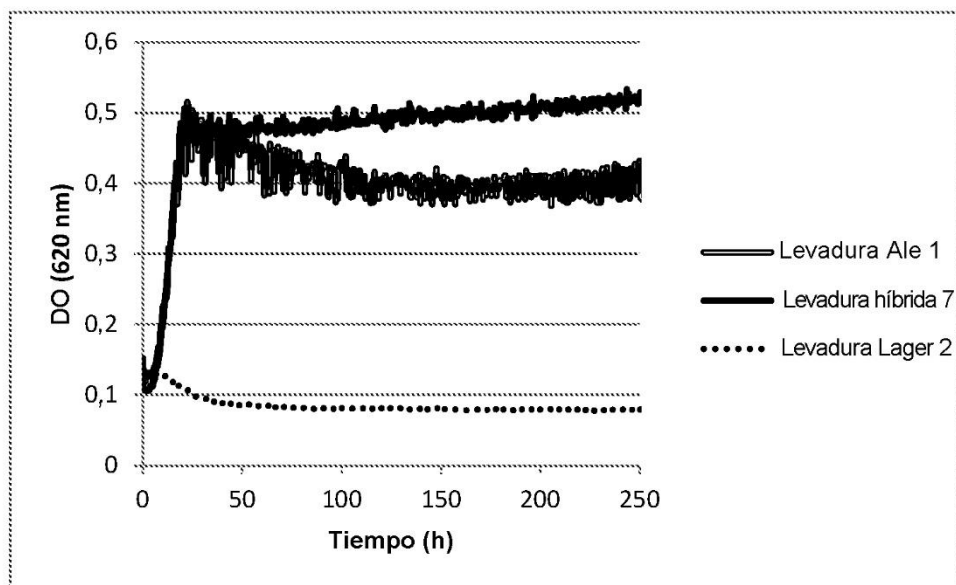


Fig. 2

C)

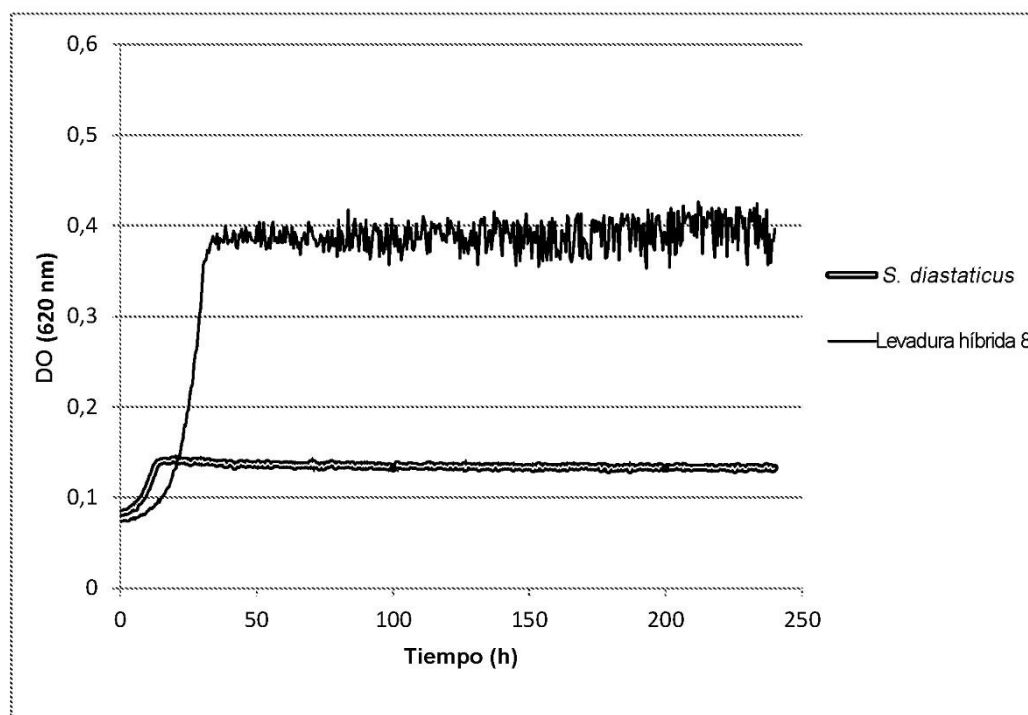
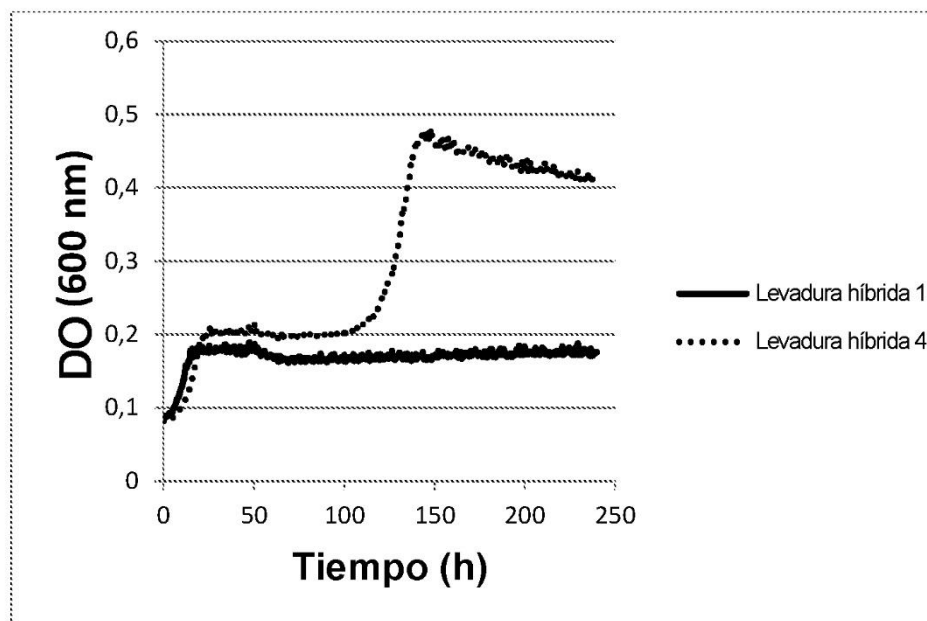


Figura 2 - continuación

A)



B)

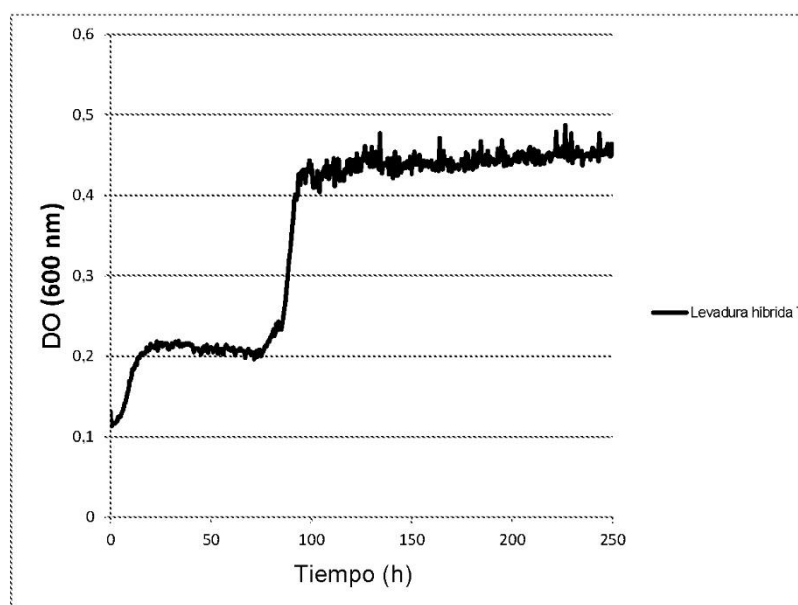


Fig. 3

Levadura Lager 1

Levadura híbrida 1

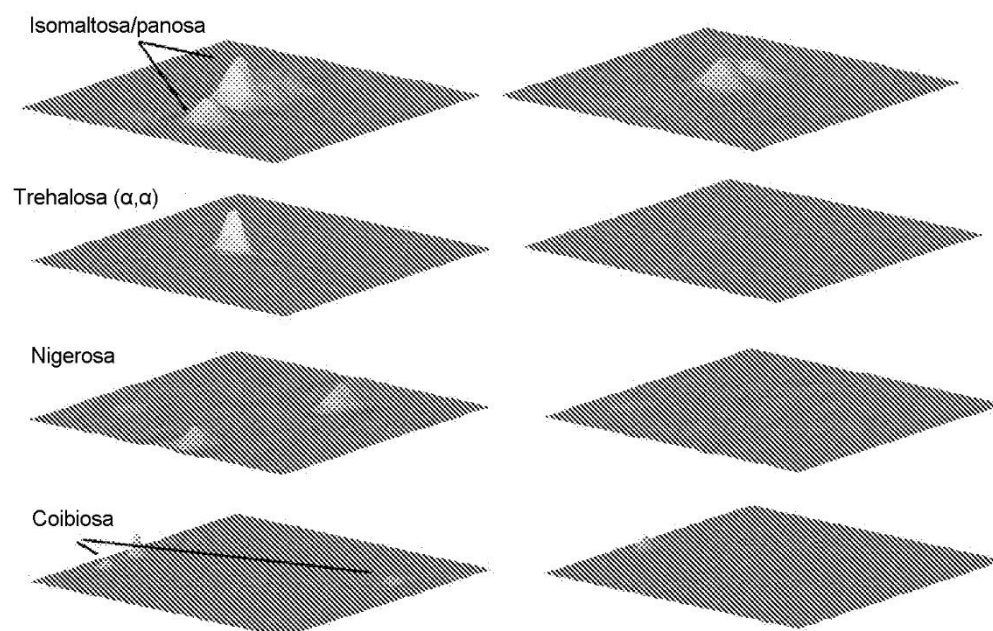


Fig. 4

SdDAL5_Ale_1	MSADASTNSNASLDEKNLNI	TSEAEIKNEDVTAEPVLSTVSPNGKI	VYI	SDKVDEAMKLAEEAKEI	EVTPEEDRKL	RWK	80												
nonSc_DAL5_Lager_1	MSGASTNSNASLDEKNLNI	TSEAEIKNEDVTAEPVLSTVSPNGK	VYI	SDKVDEAMKLAEEAKEI	EVTPEEDRKL	RWK	80												
Sc_DAL5_Hybrid_1	MSADASTNSNASLDEKNLNI	TSEAEIKNEDVTAEPVLSTVSPNGKI	VYI	SDKVDEAMKLAEEAKEI	EVTPEEDRKL	RWK	80												
SdDAL5_Ale_1	I	DYCMFPLMCI	LYAVQFMDCI	STSSAAVMGLRTDL	KMHGDQYSWTS	SAFYFGYLEMNLGPVQFI	FORTSHMSKMLAVFI	V	160										
nonSc_DAL5_Lager_1	I	DYCMFPLMCI	LYAVQFMDCI	STSSAAVMGLRTDL	KMHGDQYSWTS	SAFYFGYLEMNLGPVQFI	FORTSHMSKMLAVFI	V	160										
Sc_DAL5_Hybrid_1	I	DYCMFPLMCI	LYAVQFMDCI	STSSAAVMGLRTDL	KMHGDQYSWTS	SAFYFGYLEMNLGPVQFI	FORTSHMSKMLAVFI	V	160										
SdDAL5_Ale_1	I	WGMLLALHAAPT	VKKYPSFI	VLRYLLGCAESVVT	PCFTI	TAQYWKTEECF	TRVSI	WFGMNGLGSI	LI	NAI	AYGVYI	HOD	240						
nonSc_DAL5_Lager_1	I	WGMLLALHAAPT	VKKYPSFI	VLRYLLGCAESVVT	PCFTI	TAQYWKTEECF	TRVSI	WFGMNGLGSI	LI	NAI	AYGVYI	HOD	240						
Sc_DAL5_Hybrid_1	I	WGMLLALHAAPT	VKKYPSFI	VLRYLLGCAESVVT	PCFTI	TAQYWKTEECF	TRVSI	WFGMNGLGSI	LI	NAI	AYGVYI	HOD	240						
SdDAL5_Ale_1	SYAI	KGMRTL	FVI	TGVI	TI	FI	GI	LI	FLW	PDDPSKARFLSKREKL	MVQRI	RSNOQGF	GNHEI	KKYQI	I	EAL	KDVRTWL	Y	320
nonSc_DAL5_Lager_1	SYAI	KGMRTL	FVI	TGVI	TI	FI	GI	LI	FLW	PDDPSKARFLSKREKL	MVQRI	RSNOQGF	GNHEI	KKYQI	I	EAL	KDVRTWL	Y	320
Sc_DAL5_Hybrid_1	SYAI	KGMRTL	FVI	TGVI	TI	FI	GI	LI	FLW	PDDPSKARFLSKREKL	MVQRI	RSNOQGF	GNHEI	KKYQI	I	EAL	KDVRTWL	Y	320
SdDAL5_Ale_1	FL	FTVSSNI	PNGGI	SSFMSI	LL	NSDFGYSKETLL	MGL	PTGAVEL	VGCP	FGI	LAVYAANKKI	PFWKYKL	SWAI	FAAVLA	400				
nonSc_DAL5_Lager_1	FL	FTVSSNI	PNGGI	SSFMSI	LL	NSDFGYSKETLL	MGL	PTGAVEL	VGCP	FGI	LAVYAANKKI	PFWKYKL	SWAI	FAAVLA	400				
Sc_DAL5_Hybrid_1	FL	FTVSSNI	PNGGI	SSFMSI	LL	NSDFGYSKETLL	MGL	PTGAVEL	VGCP	FGI	LAVYAANKKI	PFWKYKL	SWAI	FAAVLA	400				
SdDAL5_Ale_1	LI	ASCM	GFATNSK	KARLAGAYL	WVI	SPVSFI	CVLSNI	SANSSGYSKKWTVSSI	NL	VAYAAANLAGPOTFI	AKQAPKYHG	480							
nonSc_DAL5_Lager_1	LI	ASCM	GFATNSK	KARLAGAYL	WVI	SPVSFI	CVLSNI	SANSSGYSKKWTVSSI	NL	VAYAAANLAGPOTFI	AKQAPKYHG	480							
Sc_DAL5_Hybrid_1	LI	ASCM	GFATNSK	KARLAGAYL	WVI	SPVSFI	CVLSNI	SANSSGYSKKWTVSSI	NL	VAYAAANLAGPOTFI	AKQAPKYHG	480							
SdDAL5_Ale_1	AKVAMVVCYAVMI	VLLSI	LLI	VNL	RENKR	RDKI	AAERGF	PEETENL	EFSDL	TD	FENPNER	RYTL	544						
nonSc_DAL5_Lager_1	AKVAMVVCYAVMI	VLLSI	LLI	VNL	RENKR	RDKI	AAERGF	PEETENL	EFSDL	TD	FENPNER	RYTL	544						
Sc_DAL5_Hybrid_1	AKVAMVVCYAVMI	VLLSI	LLI	VNL	RENKR	RDKI	AAERGF	PEETENL	EFSDL	TD	FENPNER	RYTL	544						

Fig. 5

Sc_UBR1_Ale_1	FKEFCCKVEGGVLI MORVOKSNLT KTSYSI SFKQGL YTVET	SKVHPNI PLRPKEII SLLTLCKLFNGAWKIKRKEGEHV	679
Sc_UBR1_Lager_1	FKEFCCKVEGGVLI MORVOKSNLT KTSYSI SFKQGL YTVETLTSKVHPNI PLRPKEII SLLTLCKLFNGAWKIKRKEGEHV		679
Sc_UBR1_Hybrid_1	FKEFCCKVEGGVLI MORVOKSNLT KTSYSI SFKQGL YTVETLTSKVHPNI PLRPKEII SLLTLCKLFNGAWKIKRKEGEHV		80
Sc_UBR1_Ale_1	LHEDQNFISYLEYTTISI YSI IQTAEKVSEKSKDSI DSKLFLNAI RI ISSFLGNRSLTYKLI YDSHEVI KFSVSHERVAFM		759
Sc_UBR1_Lager_1	LHEDQNFISYLEYTTISI YSI IQTAEKVSEKSKDSI DSKLFLNAI RI ISSFLGNRSLTYKLI YDSHEVI KFSVSHERVAFM		759
Sc_UBR1_Hybrid_1	LHEDQNFISYLEYTTISI YSI IQTAEKVSEKSKDSI DSKLFLNAI RI ISSFLGNRSLTYKLI YDSHEVI KFSVSHERVAFM		160
Sc_UBR1_Ale_1	NPLQTMLSFLIEKVSCLKDAYEAL EDCSDFLKI SDFSLSRVYLCSQI DVGEWRNGMSYLVHOASYYKNNPELGSYSRDI HL		839
Sc_UBR1_Lager_1	NPLQTMLSFLIEKVSCLKDAYEAL EDCSDFLKI SDFSLSRVYLCSQI DVGEWRNGMSYLVHOASYYKNNPEL	SYSRDI HL	839
Sc_UBR1_Hybrid_1	NPLQTMLSFLIEKVSCLKDAYEAL EDCSDFLKI SDFSLSRVYLCSQI DVGEWRNGMSYLVHOASYYKNNPELGSYSRDI HL		240
Sc_UBR1_Ale_1	NQLAII LWERDDI PRII YNI LDRWELL DWFTEVDYQHTVYEDKI SFI IQQFI AFI YQXISL		901
Sc_UBR1_Lager_1	NQLAII LWERDDI PRII YNI LDRWELL DWFTEVDYQHTVYEDKI SFI IQQFI AFI YQI LTERQYFKTFSSLKDRRMDQI K		919
Sc_UBR1_Hybrid_1	NQLAII LWERDDI PRII YNI LDRWELL DWFTEVDYQHTVYEDKI SFI IQQFI AFI YQI LTERQYFKTFSSLKDRRMDQI K		320
Sc_UBR1_Ale_1	NSII YNLVMAKPLSYSKLLRSVPDYLTEDTTEFDAL EEVSVFVEPKQ	ADNGVFKLKASLYAKVDP LKLLNLENEFESS	901
Sc_UBR1_Lager_1	NSII YNLVMAKPLSYSKLLRSVPDYLTEDTTEFDAL EEVSVFVEPKQ		998
Sc_UBR1_Hybrid_1	NSII YNLVMAKPLSYSKLLRSVPDYLTEDTTEFDAL EEVSVFVEPKQ	ADNGVFKLKASLYAKVDP LKLLNLENEFESS	399

Fig. 6

ScIMa5_Ae1	MTI I HNPkWKkEATVYQI YPASnKDSnNDGWGL AGI TSKL DYKkEL GVDAl WCL FYDSPQEDMGYDI ANYEkVWPryG 80
ScIMa5_Lager1	MTI I HNPkWKkEATVYQI YPASfKDSnNDGWGL AGI TSKL DYKkEL GVDAl WCLfFYDSPQEDMGYDI ANYEkVWPryG 80
ScIMa5_Hybrid1_pH1	MTI I HNPkWKkEATVYQI YPASnKDSnNDGWGL AGI TSKL DYKkEL GVDAl WCL FYDSPQEDMGYDI ANYEkVWPryG 80
non-ScIMa5_Lager1	MTI I HNPkWKkEATfVYQI YPASfKDSnNDGWGL AGI TSKL DYfKkEL GVDAl WCLfFYDSPQEDMGYDI ANYEkVWPryG 80
non-ScIMa5_Hybrid1	MTI I HNPkWKkEATfVYQI YPASfKDSnNDGWGL AGI TSKL DYfKkEL GVDAl WCLfFYDSPQEDMGYDI ANYEkVWPryG 80
ScIMa5_Ae1	TNEDfQOMI EEAhKRGi KVi VDL Vi NHCSSEHEWfKESKSSKTnPKRDWfFWRPpKGfDEKGNPI PPnNWSfFGGSaWf 160
ScIMa5_Lager1	TNEDfQOMI EEAhKRGi KVi VDL Vi NHCSSEHEWfKESKSSKTnPKRDWfFWRPpKGfDEKGNPI PPnNWSfFGGSaWf 160
ScIMa5_Hybrid1_pH1	TNEDfQOMI EEAhKRGi KVi VDL Vi NHCSSEHEWfKESKSSKTnPKRDWfFWRPpKGfDEKGNPI PPnNWSfFGGSaWf 160
non-ScIMa5_Lager1	TSEDFQOMI EEfSHKRGi KVi VDL Vi NHCSSEHEWfKESfSSKTnAKRDWfFWfPPKGYELDGfPI PPnNWSfFGGSaWf 160
non-ScIMa5_Hybrid1	TSEDFQOMI EEfSHKRGi KVi VDL Vi NHCSSEHEWfKESfSSKTnAKRDWfFWfPPKGYELDGfPI PPnNWSfFGGSaWf 160
ScIMa5_Ae1	YDEKTGEffLHVfAPGOpDFNwNEECORkAl YDSSVGYWf RHNVdGfRI DVGSmSKVEGL PDAPi TDPTVPYQGTIEff 240
ScIMa5_Lager1	YDEKTGEffLHVfAPGOpDFNwNEECORkAl YDSSVGYWf RHNVdGfRI DVGSmSKVEGL PDAPi TDPTVPYQGTIEff 240
ScIMa5_Hybrid1_pH1	YDEKTGEffLHVfAPGOpDFNwNEECORkAl YDSSVGYWf RHNVdGfRI DVGSmSKVEGL PDAPi TDPTVPYQGTIEff 240
non-ScIMa5_Lager1	YDENfTEffLHVfAPGOpDFNwNEECORCAl YDSSVGYWf RHNVdGfRI DVGSmSKVEGL PDASi TDPTVPYQGTIEff 240
non-ScIMa5_Hybrid1	YDENfTEffLHVfAPGOpDFNwNEECORCAl YDSSVGYWf RHNVdGfRI DVGSmSKVEGL PDASi TDPTVPYQGTIEff 240
ScIMa5_Ae1	I NGRPI HEYHKEMRKYWf SQI PEKGEI MTVGEGVGNEDfRDYtSAKEGEL NMWfNFkHTSVGESPECKYELI PFTLKD 320
ScIMa5_Lager1	I NGRPI HEYHKEMRKYWf SQI PEKGEI MTVGEGVGNEDfRDYtSAKEGEL NMWfNFkHTSVGESPECKYELI PFTLKD 320
ScIMa5_Hybrid1_pH1	I NGRPI HEYHKEMRKYWf SQI PEKGEI MTVGEGVGNEDfRDYtSAKEGEL NMWfNFkHTSVGESPECKYELI PFTLKD 320
non-ScIMa5_Lager1	YNGRPI HEYHKEMRfYMYfQI PEKGEI MTVGEGVGNEDfDYtSSKELNMMWfNFkHTSVGESPECKYELI PFTLKD 320
non-ScIMa5_Hybrid1	YNGRPI HEYHKEMRfYMYfQI PEKGEI MTVGEGVGNEDfDYtSSKELNMMWfNFkHTSVGESPECKYELI PFTLKD 320
ScIMa5_Ae1	FKLALAESFLfI ENTDCWSTI YLENHOpRSVSRfGSDSPKWRAl SSKMLATLI I SLGTVfI YQGOELGMSNFKNRI E 400
ScIMa5_Lager1	FKLALAESFLfI ENTDCWSTI YLENHOpRSVSRfGSDSPKWRAl SSKMLATLI I SLGTVfI YQGOELGMSNFKNRI E 400
ScIMa5_Hybrid1_pH1	FKLALAESFLfI ENTDCWSTI YLENHOpRSVSRfGSDSPKWRAl SSKMLATLI I SLGTVfI YQGOELGMSNFKNRI E 400
non-ScIMa5_Lager1	FKLALAESFLfI ENTDCWSTI YLENHOpRSVSRfGSDSPKWRAl SSKMLATLI I SLGTVfI YQGOELGMSNFKNRI E 400
non-ScIMa5_Hybrid1	FKLALAESFLfI ENTDCWSTI YLENHOpRSVSRfGSDSPKWRAl SSKMLATLI I SLGTVfI YQGOELGMSNFKNRI E 400
ScIMa5_Ae1	QI KCVEGTGTyAAl KRdYGEDESEKMKKfFEALAl SRDHGRTPePWSADEPSAGfSKDAPWf DMNesFRDGI NAEAElk 480
ScIMa5_Lager1	QI KCVEGTGTyAAl KRdYGEDESEKMKKfFEALAl SRDHGRTPePWSADEPSAGfSKDAPWf DMNesFRDGI NAEAElk 480
ScIMa5_Hybrid1_pH1	QI KCVEGTGTyAAl KRdYGEDESEKMKKfFEALAl SRDHGRTPePWSADEPSAGfSKDAPWf DMNesFRDGI NAEAElk 480
non-ScIMa5_Lager1	QI KCVEGTGTyCAl KRdYGEDESEKMKKfYEALAl SRDHGRTPePWSCEP YAGfSKfAKPw DI NESfVfGi NAEAEl 480
non-ScIMa5_Hybrid1	QI KCVEGTGTyCAl KRdYGEDESEKMKKfYEALAl SRDHGRTPePWSCEP YAGfSKfAKPw DI NESfVfGi NAEAEl 480
ScIMa5_Ae1	DKNSVfFFWkKAl QVrKEHKDl L VYGHNFQfI DL DNdkL fMTKDTDNKkMfAVfNFSSDNTDFSVPDNEASyTmFEgNy 560
ScIMa5_Lager1	DKNSVfFFWkKAl QVrKEHKDl L VYGHNFQfI DL DNdkL fMTKDTDNKkMfAVfNFSSDNTDFSVPDNEASyTmFEgNy 560
ScIMa5_Hybrid1_pH1	DKNSVfFFWkKAl QVrKEHKDl L VYGHNFQfI DL DNdkL fMTKDTDNKkMfAVfNFSSDNTDFSVPDNEASyTmFEgNy 560
non-ScIMa5_Lager1	DENSVfFFWkKAl QVrKEHKdL L VYGHNFQfI DL DNkEL fMfTKDSCDfKKMfAVfNFSSDNTfFSVPDNfASyDfMfFGNy 560
non-ScIMa5_Hybrid1	DENSVfFFWkKAl QVrKEHKdL L VYGHNFQfI DL DNkEL fMfTKDSCDfKKMfAVfNFSSDNTfFSVPDNfASyDfMfFGNy 560
ScIMa5_Ae1	ANsNGDSRtl QPwEGRl YLLKf 582
ScIMa5_Lager1	ANsNGDSRtl QPwEGRl YLLKf 582
ScIMa5_Hybrid1_pH1	ANsNGDSRtl QPwEGRl YLLKf 582
non-ScIMa5_Lager1	ANsNGSytL QPwEGRl YfSYNf 582
non-ScIMa5_Hybrid1	ANsNGSytL QPwEGRl YfSYNf 582

Fig. 10

[illegible]

Nota "": los residuos sombreados (en negro) son los que difieren de la secuencia de consenso

Fig. 11A

Non-Sc_AGT1_Lager1	MKNI LSLVGRKENTPEDVTANLADTSSTVMQAKDLVI EDFEERKKNDAFELNHEL TTNATQLSDSDEDKENVI RVAEA	80
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	MKNI LSLVGRKENTPEDVTANLADTSSTVMQAKDLVI EDFEERKKNDAFELNHEL TTNATQLSDSDEDKENVI RVAEA	80
Non-Sc_AGT1_Lager1	TDANEANNEEKSMTLRQALRKYPKAALWSI LVSTTLVMEGYDTALLSALYALPVFQRKFGTMNAEGSYEITSQWQI GLN	160
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	TDANEANNEEKSMTLRQALRKYPKAALWSI LVSTTLVMEGYDTALLSALYALPVFQRKFGTMNAEGSYEITSQWQI GLN	160
Non-Sc_AGT1_Lager1	MCVL CGEMI GLQI TTYWVEFMGNRYTMTALSLLTAYIFILYYCKSLAMI AVGGI LSAMPWGCQSLAVTYASEVCPLAL	240
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	MCVL CGEMI GLQI TTYWVEFMGNRYTMTALSLLTAYIFILYYCKSLAMI AVGGI LSAMPWGCQSLAVTYASEVCPLAL	240
Non-Sc_AGT1_Lager1	RYVMTSYSNI CWF FGQI FASGI MKNSQENLGNSDLGYKLPFALQMW P A P L I I G I F F A P E S P W M L V R K N K I V E A K K S L N R	320
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	RYVMTSYSNI CWF FGQI FASGI MKNSQENLGNSDLGYKLPFALQMW P A P L I I G I F F A P E S P W M L V R K N K I V E A K K S L N R	320
Non-Sc_AGT1_Lager1	ILSGVTEKEIQVDITLKCQI EMTI EKERLRASKSGSFFSCFKGVDGRRTRLACLTWVAQNSSGAVLLGYSTYFFERAGMA	400
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	ILSGVTEKEIQVDITLKCQI EMTI EKERLRASKSGSFFSCFKGVDGRRTRLACLTWVAQNSSGAVLLGYSTYFFERAGMA	400
Non-Sc_AGT1_Lager1	TDKAFTFSLIQYCLGLAGTLGSWISGRVGRWTILTYGLSFQMWCLFIIGMGFASGSSASNAAGGLLLALSFFYNAGIG	480
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	TDKAFTFSLIQYCLGLAGTLGSWISGRVGRWTILTYGLSFQMWCLFIIGMGFASGSSASNAAGGLLLALSFFYNAGIG	480
Non-Sc_AGT1_Lager1	AVVYCI VAEI PSAELRTKTI VLARI CYNLMAVFNAI LTPYMLNVSDMNWGAKTGLYWGFTALT LAWI I DLPETTGRTF	560
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	AVVYCI VAEI PSAELRTKTI VLARI CYNLMAVFNAI LTPYMLNVSDMNWGAKTGLYWGFTALT LAWI I DLPETTGRTF	560
Non-Sc_AGT1_Lager1	SEI NELFSQGVPA RKFASTVVDPF GKRG LQNRPCVDNI I DRFSASQOAL	611
Non-Sc_AGT1_Hybrid1	SEI NELFSQGVPA RKFASTVVDPF GKRG LQNRPCVDNI I DRFSASQOAL	610

Nota "": los residuos sombreados (en negro) son los que difieren de la secuencia de consenso

Fig. 12A

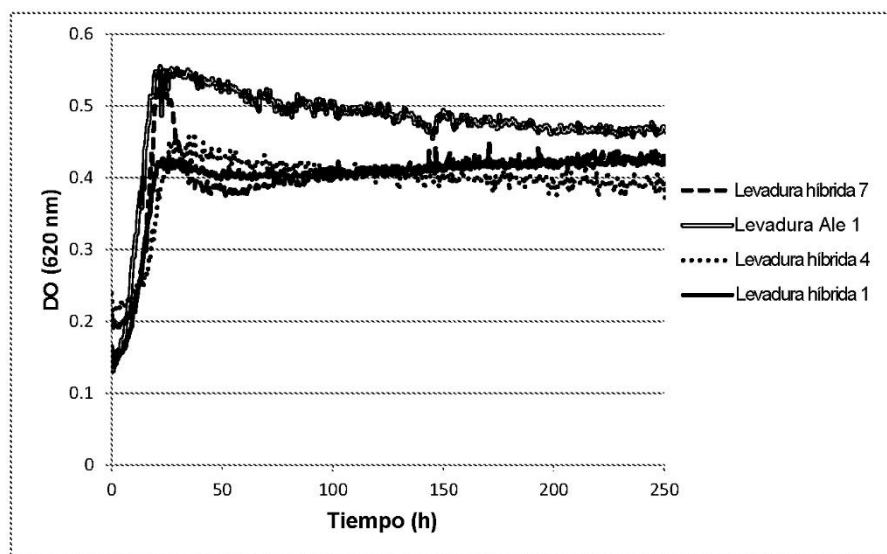
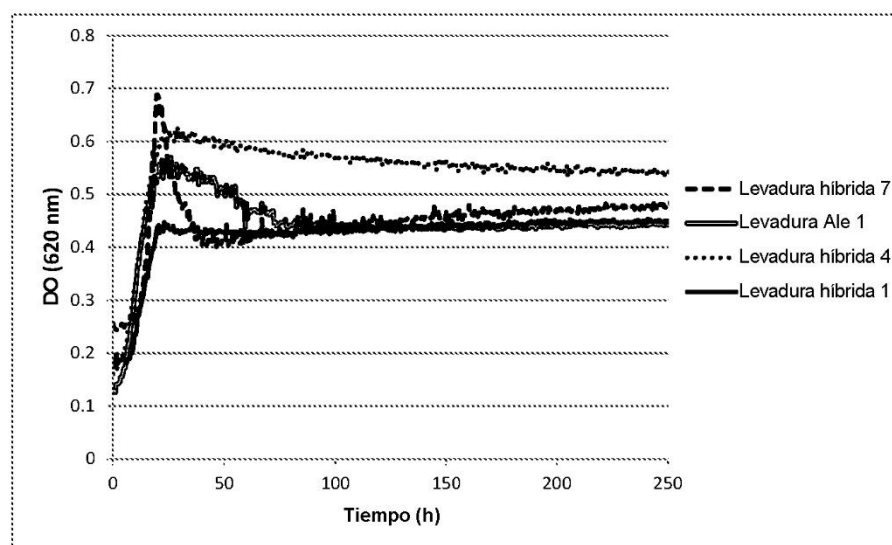


Fig. 13

A)



B)

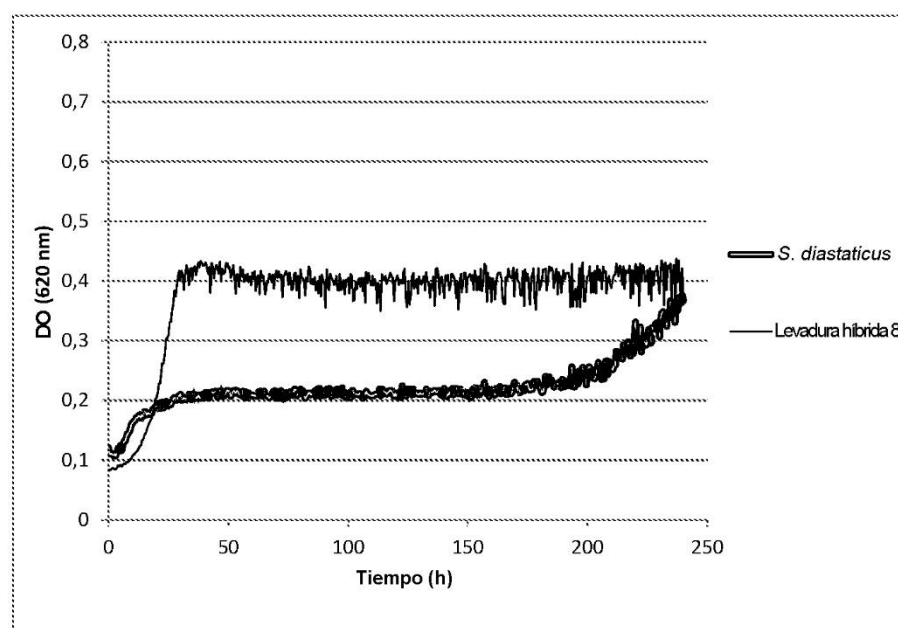
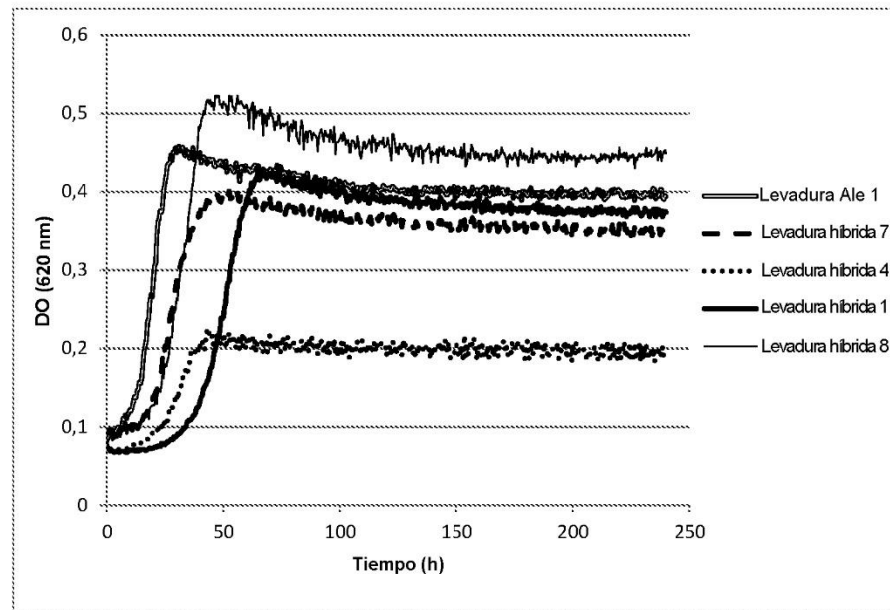


Fig. 14

A)



B)

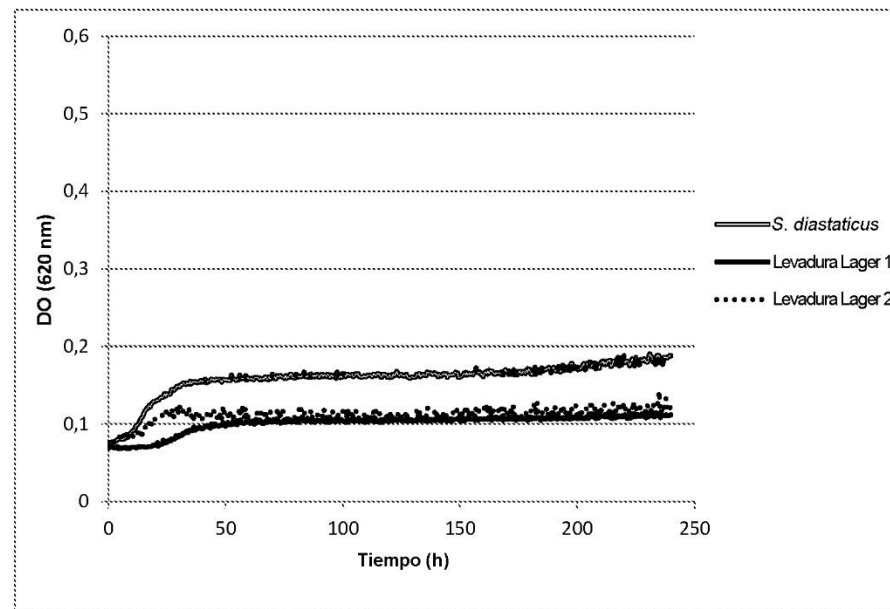


Fig. 15

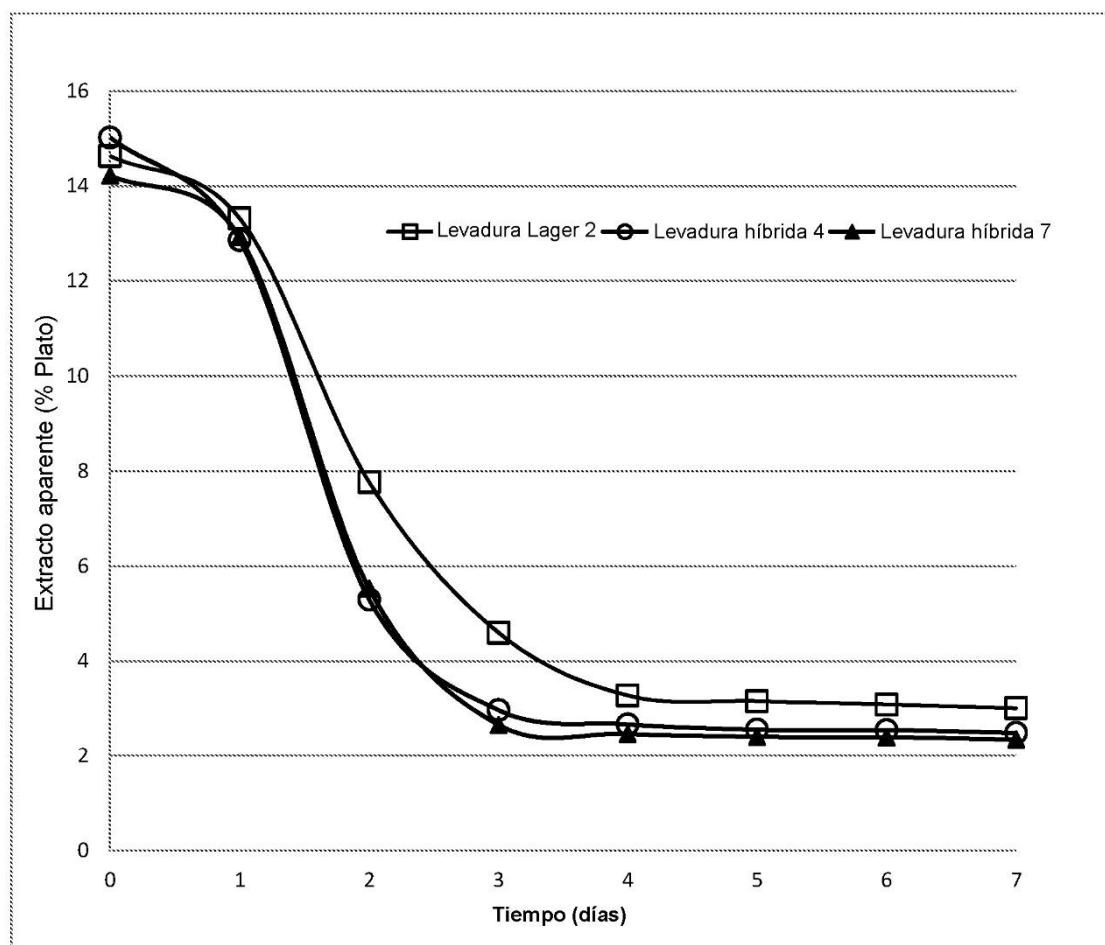


Fig. 16