

0342941-0584_SL (1)
SEQUENCE LISTING

<110> PRESIDENT AND FELLOWS OF HARVARD COLLEGE

<120> METHOD FOR PURIFICATION AND ACTIVATION OF BOTULINUM NEUROTOXIN

<130> 0342941-0584

<140>

<141>

<150> 62/336,958

<151> 2016-05-16

<160> 30

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
6xHis tag"

<400> 1

His His His His His His

1 5

<210> 2

<211> 5

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<221> source

<223> /note="Description of Unknown:
Enterokinase peptide"

<400> 2

Asp Asp Asp Asp Lys

1 5

<210> 3

<211> 4

<212> PRT

<213> Unknown

<220>
<221> source
<223> /note="Description of Unknown:
Factor Xa peptide"

<400> 3
Ile Glu Gly Arg
1

<210> 4
<211> 4
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<221> source
<223> /note="Description of Unknown:
Factor Xa peptide"

<400> 4
Ile Asp Gly Arg
1

<210> 5
<211> 7
<212> PRT
<213> Tobacco Etch virus

<400> 5
Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly
1 5

<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Unknown

<220>
<221> source
<223> /note="Description of Unknown:
Thrombin peptide"

<400> 6
Leu Val Pro Arg Gly Ser
1 5

<210> 7

<211> 8

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<221> source

<223> /note="Description of Unknown:
PreScission peptide"

<400> 7

Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly Pro

1 5

<210> 8

<211> 10

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<221> source

<223> /note="Description of Unknown:
myc peptide"

<400> 8

Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1 5 10

<210> 9

<211> 5

<212> PRT

<213> Unknown

<220>

<221> source

<223> /note="Description of Unknown:
IRS peptide"

<400> 9

Arg Tyr Ile Arg Ser

1 5

<210> 10

<211> 6

<212> PRT

<213> Bovine papillomavirus 1

<400> 10

Asp Thr Tyr Arg Tyr Ile

1 5

<210> 11
<211> 6
<212> PRT
<213> Bovine papillomavirus 1

<400> 11
Thr Asp Phe Leu Tyr Lys
1 5

<210> 12
<211> 9
<212> PRT
<213> Polyomavirus sp.

<400> 12
Glu Glu Glu Glu Tyr Met Pro Met Glu
1 5

<210> 13
<211> 11
<212> PRT
<213> Simian virus 40

<400> 13
Lys Pro Pro Thr Pro Pro Pro Glu Pro Glu Thr
1 5 10

<210> 14
<211> 11
<212> PRT
<213> Enterobacteria phage T7

<400> 14
Met Ala Ser Met Thr Gly Gly Gln Gln Met Gly
1 5 10

<210> 15
<211> 12
<212> PRT
<213> Herpes simplex virus

<400> 15
Gln Pro Glu Leu Ala Pro Glu Asp Pro Glu Asp Cys
1 5 10

<210> 16
 <211> 11
 <212> PRT
 <213> Vesicular stomatitis virus

<400> 16
 Tyr Thr Asp Ile Glu Met Asn Arg Leu Gly Lys
 1 5 10

<210> 17
 <211> 7
 <212> PRT
 <213> Unknown

<220>
 <221> source
 <223> /note="Description of Unknown:
 Anti-Xpress peptide"

<400> 17
 Asp Leu Tyr Asp Asp Asp Lys
 1 5

<210> 18
 <211> 14
 <212> PRT
 <213> Paramyxovirus SV5

<400> 18
 Gly Lys Pro Ile Pro Asn Pro Leu Leu Gly Leu Asp Ser Thr
 1 5 10

<210> 19
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <221> source
 <223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic
 peptide"

<400> 19
 Asp Tyr Lys Asp Asp Asp Asp Lys
 1 5

<210> 20
 <211> 10

0342941-0584_SL (1)

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(10)

<223> /note="This sequence may encompass 4-10 residues"

<400> 20

His His His His His His His His His His
1 5 10

<210> 21

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220>

<221> source

<223> /note="Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide"

<400> 21

Trp Ser His Pro Gln Phe Glu Lys
1 5

<210> 22

<211> 1193

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum

<400> 22

Met Asn Ile Asn Asp Asn Leu Ser Ile Asn Ser Pro Val Asp Asn Lys
1 5 10 15

Asn Val Val Val Val Arg Ala Arg Lys Thr Asp Thr Val Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Lys Val Ala Pro Asn Ile Trp Val Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

0342941-0584_SL (1)

Glu Ser Leu Ser Ile Asp Glu Glu Tyr Lys Val Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Gln Asp Ser Glu Lys Asp Lys Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Ile Ile Thr Leu Leu Lys Arg Ile Asn Ser Thr Asn Ala Gly Glu
85 90 95

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

Ile Gly Gly Gly Tyr Tyr Ala Pro Asn Met Ile Thr Phe Gly Ser Ala
115 120 125

Pro Lys Ser Asn Lys Lys Leu Asn Ser Leu Ile Ser Ser Thr Ile Pro
130 135 140

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

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

Asn Ile Val Glu Asn Asn Thr Val Phe Tyr Lys Lys Glu Asp Ala Glu
180 185 190

Asn Gly Met Gly Thr Met Thr Glu Ile Trp Phe Gln Pro Phe Leu Thr
195 200 205

Tyr Lys Tyr Asp Glu Phe Tyr Ile Asp Pro Ala Ile Glu Leu Ile Lys
210 215 220

Cys Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Phe Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Ser Asp
225 230 235 240

Asp Leu Val Ile Pro Tyr Arg Leu Arg Ser Glu Leu Glu Asn Ile Glu
245 250 255

0342941-0584_SL (1)

Tyr Ser Gln Leu Asn Ile Val Asp Leu Leu Val Ser Gly Gly Ile Asp
260 265 270

Pro Lys Phe Ile Asn Thr Asp Pro Tyr Trp Phe Thr Asp Asn Tyr Phe
275 280 285

Ser Asn Ala Lys Lys Val Phe Glu Asp His Arg Asn Ile Tyr Glu Thr
290 295 300

Glu Ile Glu Gly Asn Asn Ala Ile Gly Asn Asp Ile Lys Leu Arg Leu
305 310 315 320

Lys Gln Lys Phe Arg Ile Asn Ile Asn Asp Ile Trp Glu Leu Asn Leu
325 330 335

Asn Tyr Phe Ser Lys Glu Phe Ser Ile Met Met Pro Asp Arg Phe Asn
340 345 350

Asn Ala Leu Lys His Phe Tyr Arg Lys Gln Tyr Tyr Lys Ile Asp Tyr
355 360 365

Pro Glu Asn Tyr Ser Ile Asn Gly Phe Val Asn Gly Gln Ile Asn Ala
370 375 380

Gln Leu Ser Leu Ser Asp Arg Asn Gln Asp Ile Ile Asn Lys Pro Glu
385 390 395 400

Glu Ile Ile Asn Leu Leu Asn Gly Asn Asn Val Ser Leu Met Arg Ser
405 410 415

Asn Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Ser Thr Val Asp Asp Phe Tyr Ser
420 425 430

Asn Tyr Lys Ile Pro Tyr Asn Arg Ala Tyr Glu Tyr His Phe Asn Asn
435 440 445

Ser Asn Asp Ser Ser Leu Asp Asn Val Asn Ile Gly Val Ile Asp Asn
450 455 460

0342941-0584_SL (1)

Ile Pro Glu Ile Ile Asp Val Asn Pro Tyr Lys Glu Asn Cys Asp Lys
465 470 475 480

Phe Ser Pro Val Gln Lys Ile Thr Ser Thr Arg Glu Ile Asn Thr Asn
485 490 495

Ile Pro Trp Pro Ile Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Asn Thr Asn Asn Glu
500 505 510

Lys Phe Ser Leu Ser Ser Asp Phe Val Glu Val Val Ser Ser Lys Asp
515 520 525

Lys Ser Leu Val Tyr Ser Phe Leu Ser Asn Val Met Phe Tyr Leu Asp
530 535 540

Ser Ile Lys Asp Asn Ser Pro Ile Asp Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Leu
545 550 555 560

Trp Leu Arg Glu Ile Phe Arg Asn Tyr Ser Phe Asp Ile Thr Ala Thr
565 570 575

Gln Glu Ile Asn Thr Asn Cys Gly Ile Asn Lys Val Val Thr Trp Phe
580 585 590

Gly Lys Ala Leu Asn Ile Leu Asn Thr Ser Asp Ser Phe Val Glu Glu
595 600 605

Phe Gln Asn Leu Gly Ala Ile Ser Leu Ile Asn Lys Lys Glu Asn Leu
610 615 620

Ser Met Pro Ile Ile Glu Ser Tyr Glu Ile Pro Asn Asp Met Leu Gly
625 630 635 640

Leu Pro Leu Asn Asp Leu Asn Glu Lys Leu Phe Asn Ile Tyr Ser Lys
645 650 655

Asn Thr Ala Tyr Phe Lys Lys Ile Tyr Tyr Asn Phe Leu Asp Gln Trp
660 665 670

0342941-0584_SL (1)

Trp Thr Gln Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Asp Leu Ile Cys Met Ala Lys
675 680 685

Arg Ser Val Leu Ala Gln Glu Thr Leu Ile Lys Arg Ile Ile Gln Lys
690 695 700

Lys Leu Ser Tyr Leu Ile Gly Asn Ser Asn Ile Ser Ser Asp Asn Leu
705 710 715 720

Ala Leu Met Asn Leu Thr Thr Thr Asn Thr Leu Arg Asp Ile Ser Asn
725 730 735

Glu Ser Gln Ile Ala Met Asn Asn Val Asp Ser Phe Leu Asn Asn Ala
740 745 750

Ala Ile Cys Val Phe Glu Ser Asn Ile Tyr Pro Lys Phe Ile Ser Phe
755 760 765

Met Glu Gln Cys Ile Asn Asn Ile Asn Ile Lys Thr Lys Glu Phe Ile
770 775 780

Gln Lys Cys Thr Asn Ile Asn Glu Asp Glu Lys Leu Gln Leu Ile Asn
785 790 795 800

Gln Asn Val Phe Asn Ser Leu Asp Phe Glu Phe Leu Asn Ile Gln Asn
805 810 815

Met Lys Ser Leu Phe Ser Ser Glu Thr Ala Leu Leu Ile Lys Glu Glu
820 825 830

Thr Trp Pro Tyr Glu Leu Val Leu Tyr Ala Phe Lys Glu Pro Gly Asn
835 840 845

Asn Val Ile Gly Asp Ala Ser Gly Lys Asn Thr Ser Ile Glu Tyr Ser
850 855 860

Lys Asp Ile Gly Leu Val Tyr Gly Ile Asn Ser Asp Ala Leu Tyr Leu
865 870 875 880

0342941-0584_SL (1)

Asn Gly Ser Asn Gln Ser Ile Ser Phe Ser Asn Asp Phe Phe Glu Asn
885 890 895

Gly Leu Thr Asn Ser Phe Ser Ile Tyr Phe Trp Leu Arg Asn Leu Gly
900 905 910

Lys Asp Thr Ile Lys Ser Lys Leu Ile Gly Ser Lys Glu Asp Asn Cys
915 920 925

Gly Trp Glu Ile Tyr Phe Gln Asp Thr Gly Leu Val Phe Asn Met Ile
930 935 940

Asp Ser Asn Gly Asn Glu Lys Asn Ile Tyr Leu Ser Asp Val Ser Asn
945 950 955 960

Asn Ser Trp His Tyr Ile Thr Ile Ser Val Asp Arg Leu Lys Glu Gln
965 970 975

Leu Leu Ile Phe Ile Asp Asp Asn Leu Val Ala Asn Glu Ser Ile Lys
980 985 990

Glu Ile Leu Asn Ile Tyr Ser Ser Asn Ile Ile Ser Leu Leu Ser Glu
995 1000 1005

Asn Asn Pro Ser Tyr Ile Glu Gly Leu Thr Ile Leu Asn Lys Pro
1010 1015 1020

Thr Thr Ser Gln Glu Val Leu Ser Asn Tyr Phe Glu Val Leu Asn
1025 1030 1035

Asn Ser Tyr Ile Arg Asp Ser Asn Glu Glu Arg Leu Glu Tyr Asn
1040 1045 1050

Lys Thr Tyr Gln Leu Tyr Asn Tyr Val Phe Ser Asp Lys Pro Ile
1055 1060 1065

Cys Glu Val Lys Gln Asn Asn Asn Ile Tyr Leu Thr Ile Asn Asn
1070 1075 1080

0342941-0584_SL (1)

Thr Asn Asn Leu Asn Leu Gln Ala Ser Lys Phe Lys Leu Leu Ser
1085 1090 1095

Ile Asn Pro Asn Lys Gln Tyr Val Gln Lys Leu Asp Glu Val Ile
1100 1105 1110

Ile Ser Val Leu Asp Asn Met Glu Lys Tyr Ile Asp Ile Ser Glu
1115 1120 1125

Asp Asn Arg Leu Gln Leu Ile Asp Asn Lys Asn Asn Ala Lys Lys
1130 1135 1140

Met Ile Ile Ser Asn Asp Ile Phe Ile Ser Asn Cys Leu Thr Leu
1145 1150 1155

Ser Tyr Asn Gly Lys Tyr Ile Cys Leu Ser Met Lys Asp Glu Asn
1160 1165 1170

His Asn Trp Met Ile Cys Asn Asn Asp Met Ser Lys Tyr Leu Tyr
1175 1180 1185

Leu Trp Ser Phe Lys
1190

<210> 23

<211> 1159

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum

<400> 23

Met Lys Ile Asn Asn Asn Phe Asn Ile Asp Ser Leu Ile Asp Asn Arg
1 5 10 15

Asp Val Ala Ile Val Arg Gly Arg Lys Thr Asp Thr Phe Phe Lys Val
20 25 30

Phe Gln Val Ala Pro Asn Ile Trp Ile Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Ser Leu Asn Ile Asn Glu Asp Gln Lys Ser Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

0342941-0584_SL (1)

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Thr Asn Asp Glu Lys Asp Glu Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Thr Val Lys Ile Leu Gln Arg Ile Asn Asn Asn Val Ile Gly Ala
85 90 95

Lys Leu Leu Ser Leu Ile Ser Thr Ala Ile Pro Phe Pro Tyr Glu Tyr
100 105 110

Lys Pro Gly Asp Tyr Arg Gln Thr Asn Tyr Leu Val Ser Lys Asp Asn
115 120 125

Gln His Tyr Tyr Thr Ala Asn Leu Val Ile Phe Gly Pro Gly Thr Asn
130 135 140

Ile Val Glu Asn Asn Ala Ile Tyr Tyr Lys Lys Glu Asp Ser Glu Asn
145 150 155 160

Gly Met Gly Thr Met Ser Glu Ile Trp Phe Gln Pro Phe Leu Thr Tyr
165 170 175

Lys Tyr Gly Gln Phe Tyr Val Asp Pro Ala Leu Glu Leu Ile Lys Cys
180 185 190

Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Tyr Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Ser Asp Asp
195 200 205

Leu Ser Ile Pro Tyr Arg Leu Arg Ser Glu Leu Asn Ser Phe Glu Tyr
210 215 220

Ser Glu Leu Asp Met Ile Asp Phe Leu Ile Ser Gly Gly Thr Glu Tyr
225 230 235 240

Lys Leu Leu Asp Thr Asn Pro Tyr Trp Phe Thr Asp Asn Tyr Phe Ile
245 250 255

Asp Ala Pro Lys Asn Phe Glu Lys Tyr Lys Asn Asp Tyr Glu Thr Lys
260 265 270

0342941-0584_SL (1)

Ile Lys Asn Asn Asn Asp Ile Ala Asn Ser Ile Lys Leu Tyr Leu Glu
275 280 285

Gln Lys Phe Lys Thr Asn Ala Gln Asp Ile Trp Glu Leu Asn Leu Ser
290 295 300

Tyr Phe Ser Thr Glu Phe Glu Ile Met Met Pro Glu Ile Phe Asn Asn
305 310 315 320

Ala Leu Asn His Tyr Tyr Arg Lys Glu Tyr Tyr Val Ile Asp Tyr Phe
325 330 335

Lys Asn Tyr Asn Ile Asn Gly Phe Ile Asn Gly Gln Ile Lys Thr Ile
340 345 350

Leu Pro Leu Ser Lys Tyr Asn Lys Asn Ile Ile Asn Lys Pro Glu Leu
355 360 365

Val Val Asn Leu Ile Asn Glu Asn Asn Thr Val Leu Met Lys Ser Asn
370 375 380

Val Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Gly Thr Met Asp Asn Phe Tyr Ala Ala
385 390 395 400

Tyr Lys Ile Pro Tyr Asn Ile Gly Asp Glu Tyr His Ile Asn Tyr Ser
405 410 415

Tyr Leu Asn Asn Val Asn Val Glu Glu Ile Asn Asn Ile Pro Pro Ile
420 425 430

Asn Asp Ala Asp Ile Tyr Pro Tyr Arg Lys Asn Ser Asp Pro Phe Ile
435 440 445

Pro Val Tyr Asn Ile Thr Glu Thr Lys Glu Ile Asn Thr Thr Thr Pro
450 455 460

Leu Ser Val Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Val Thr Asn Ser Asn Asp Ile
465 470 475 480

0342941-0584_SL (1)

Ser Leu Ser Ser Asp Phe Ser Lys Val Ile Ser Ser Lys Asp Arg Ser
485 490 495

Leu Val Tyr Ser Phe Leu Asp Asn Thr Ile Asp Tyr Leu Asp Ser Ile
500 505 510

Lys Tyr Asp Glu Pro Ile Asp Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Leu Trp Leu
515 520 525

Lys Glu Ile Phe Arg Asn Tyr Ser Phe Asp Met Thr Glu Thr Gln Glu
530 535 540

Val Asn Thr Pro Cys Gly Ile Asn Lys Val Val Pro Trp Leu Gly Lys
545 550 555 560

Ala Leu Asn Ile Leu Asn Thr Gly Asn Ser Phe Ile Glu Glu Phe Lys
565 570 575

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

Pro Lys Ile Glu Ile Asp Glu Ile Pro Asn Ser Met Leu Asn Leu Ser
595 600 605

Phe Lys Asp Leu Ser Glu Asn Leu Phe Asn Arg Phe Ser Lys Asn Asn
610 615 620

Ser Tyr Phe Glu Lys Ile Tyr Tyr Asp Phe Leu Asp Gln Trp Trp Thr
625 630 635 640

Gln Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Asp Leu Ile Cys Met Ala Lys Lys Ser
645 650 655

Ile Leu Ala Gln Glu Thr Leu Ile Lys Lys Ile Ile Gln Lys Lys Leu
660 665 670

Ser Tyr Leu Ile Gly Asn Ser Asn Ile Ser Ser Asp Asn Leu Ala Leu
675 680 685

0342941-0584_SL (1)

Met Asn Leu Thr Thr Thr Asn Thr Leu Arg Asp Ile Ser Asn Glu Ser
690 695 700

Gln Ile Ala Met Asn Asn Val Asp Ser Phe Leu Asn Ser Ala Ala Ile
705 710 715 720

Cys Val Phe Glu Gly Asn Ile Tyr Ser Lys Phe Ile Ser Phe Met Glu
725 730 735

Gln Cys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Asn Thr Arg Glu Phe Ile Gln Lys
740 745 750

Cys Thr Asn Ile Thr Glu Asn Glu Lys Leu Gln Leu Ile Asn Gln Asn
755 760 765

Ile Phe Ser Ser Leu Asp Phe Asp Phe Leu Asn Ile Glu Asn Leu Lys
770 775 780

Ser Leu Phe Ser Ser Glu Thr Ala Leu Leu Ile Lys Glu Glu Thr Ser
785 790 795 800

Pro Tyr Glu Leu Val Leu Tyr Ala Phe Gln Glu Pro Asp Asn Asn Ala
805 810 815

Ile Gly Asp Ala Ser Ala Lys Asn Thr Ser Ile Glu Tyr Ser Lys Asp
820 825 830

Ile Asp Leu Val Tyr Gly Ile Asn Ser Asp Ala Leu Tyr Leu Asn Gly
835 840 845

Ser Asn Gln Ser Ile Ser Phe Ser Asn Asp Phe Phe Glu Asn Gly Leu
850 855 860

Thr Asn Ser Phe Ser Ile Tyr Phe Trp Leu Arg Asn Leu Gly Lys Asp
865 870 875 880

Thr Ile Lys Ser Lys Leu Ile Gly Ser Lys Glu Asp Asn Cys Gly Trp
885 890 895

0342941-0584_SL (1)

Glu Ile Tyr Phe Gln Asp Thr Gly Leu Val Phe Asn Met Ile Asp Ser
900 905 910

Asn Gly Asn Glu Lys Asn Ile Tyr Leu Ser Asp Val Ser Asn Asn Ser
915 920 925

Trp His Tyr Ile Thr Ile Ser Val Asp Arg Leu Lys Glu Gln Leu Leu
930 935 940

Ile Phe Ile Asp Asp Asn Leu Val Ala Asn Glu Ser Ile Lys Glu Ile
945 950 955 960

Leu Asn Ile Tyr Ser Ser Asn Ile Ile Ser Leu Leu Ser Glu Asn Asn
965 970 975

Pro Ser Tyr Ile Glu Gly Leu Thr Ile Leu Asn Lys Pro Thr Thr Ser
980 985 990

Gln Glu Val Leu Asn Asn Tyr Phe Lys Val Leu Asn Asn Ser Tyr Ile
995 1000 1005

Arg Asp Ser Asn Glu Glu Arg Leu Glu Tyr Asn Lys Thr Tyr Gln
1010 1015 1020

Leu Tyr Asn Tyr Val Phe Ser Asp Lys Pro Ile Cys Glu Val Lys
1025 1030 1035

Gln Asn Asn Asn Ile Tyr Leu Thr Ile Asn Asn Thr Asn Asn Leu
1040 1045 1050

Asn Leu Gln Pro Ser Lys Phe Lys Leu Leu Ser Ile Asn Ser Asn
1055 1060 1065

Lys Gln Tyr Val Gln Lys Phe Asp Glu Val Ile Ile Ser Ile Leu
1070 1075 1080

Gly Asn Met Glu Lys Tyr Ile Asp Ile Ser Glu Asp Asn Arg Leu
1085 1090 1095

0342941-0584_SL (1)

Gln Leu Ile Asp Asn Lys Asn Gly Ala Lys Lys Met Ile Ile Ser
1100 1105 1110

Asn Asp Met Phe Ile Ser Asn Cys Leu Thr Leu Ser Cys Gly Gly
1115 1120 1125

Lys Tyr Ile Cys Leu Ser Met Lys Asp Glu Asn His Asn Trp Met
1130 1135 1140

Ile Cys Asn Asn Asp Met Ser Lys Tyr Leu Tyr Leu Trp Ser Phe
1145 1150 1155

Lys

<210> 24

<211> 1197

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum

<400> 24

Met Asn Ile Asn Asp Asn Leu Ser Ile Asn Ser Pro Val Asp Asn Lys
1 5 10 15

Asn Val Val Val Val Arg Ala Arg Lys Thr Asp Thr Val Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Lys Val Ala Pro Asn Ile Trp Val Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Ser Leu Ser Ile Asp Glu Glu Tyr Lys Val Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Gln Asp Ser Glu Lys Asp Lys Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Ile Ile Thr Leu Leu Lys Arg Ile Asn Ser Thr Asn Ala Gly Glu
85 90 95

0342941-0584_SL (1)

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

Ile Gly Gly Gly Tyr Tyr Ala Pro Asn Met Ile Thr Phe Gly Ser Ala
115 120 125

Pro Lys Ser Asn Lys Lys Leu Asn Ser Leu Ile Ser Ser Thr Ile Pro
130 135 140

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

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

Asn Ile Val Glu Asn Asn Thr Val Phe Tyr Lys Lys Glu Asp Ala Glu
180 185 190

Asn Gly Met Gly Thr Met Thr Glu Ile Trp Phe Gln Pro Phe Leu Thr
195 200 205

Tyr Lys Tyr Asp Glu Phe Tyr Ile Asp Pro Ala Ile Glu Leu Ile Lys
210 215 220

Cys Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Phe Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Ser Asp
225 230 235 240

Asp Leu Val Ile Pro Tyr Arg Leu Arg Ser Glu Leu Glu Asn Ile Glu
245 250 255

Tyr Ser Gln Leu Asn Ile Val Asp Leu Leu Val Ser Gly Gly Ile Asp
260 265 270

Pro Lys Phe Ile Asn Thr Asp Pro Tyr Trp Phe Thr Asp Asn Tyr Phe
275 280 285

Ser Asn Ala Lys Lys Val Phe Glu Asp His Arg Asn Ile Tyr Glu Thr
290 295 300

0342941-0584_SL (1)

Gln Ile Glu Gly Asn Asn Ala Ile Gly Asn Asp Ile Lys Leu Arg Leu
305 310 315 320

Lys Gln Lys Phe Arg Ile Asn Ile Asn Asp Ile Trp Glu Leu Asn Leu
325 330 335

Asn Tyr Phe Ser Lys Glu Phe Ser Ile Met Met Pro Asp Arg Phe Asn
340 345 350

Asn Ala Leu Lys His Phe Tyr Arg Lys Gln Tyr Tyr Lys Ile Asp Tyr
355 360 365

Pro Glu Asn Tyr Ser Ile Asn Gly Phe Val Asn Gly Gln Ile Asn Val
370 375 380

Gln Leu Ser Leu Ser Asp Arg Asn Gln Asp Ile Ile Asn Lys Pro Glu
385 390 395 400

Glu Ile Ile Asn Leu Leu Asn Gly Asn Asn Val Ser Leu Met Arg Ser
405 410 415

Asn Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Ser Thr Val Asp Asp Phe Tyr Ser
420 425 430

Asn Tyr Lys Ile Pro Tyr Asn Arg Ala Tyr Glu Tyr His Phe Asn Asn
435 440 445

Ser Asn Asp Ser Ser Leu Asp Asn Val Asn Ile Gly Val Ile Asp Asn
450 455 460

Ile Pro Glu Ile Ile Asp Val Asn Pro Tyr Lys Glu Asn Cys Asp Lys
465 470 475 480

Phe Ser Pro Val Gln Lys Ile Thr Ser Thr Arg Glu Ile Asn Thr Asn
485 490 495

Ile Pro Trp Pro Ile Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Asn Thr Asn Asn Glu
500 505 510

0342941-0584_SL (1)

Lys Phe Ser Leu Ser Ser Asp Phe Val Glu Val Val Ser Ser Lys Asp
515 520 525

Lys Ser Leu Val Tyr Ser Phe Leu Ser Asn Val Met Phe Tyr Leu Asp
530 535 540

Ser Ile Lys Asp Asn Ser Pro Ile Asp Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Leu
545 550 555 560

Trp Leu Arg Glu Ile Phe Arg Asn Tyr Ser Phe Asp Ile Thr Ala Thr
565 570 575

Gln Glu Ile Asn Thr Asp Cys Gly Ile Asn Lys Val Val Thr Trp Phe
580 585 590

Gly Lys Ala Leu Asn Ile Leu Asn Thr Ser Asp Ser Phe Val Glu Glu
595 600 605

Phe Gln Asn Leu Gly Pro Ile Ser Leu Ile Asn Lys Lys Glu Asn Leu
610 615 620

Ser Met Pro Ile Ile Glu Ile Tyr Gly Ile Pro Asn Asp Met Leu Gly
625 630 635 640

Leu Pro Leu Asn Asp Leu Asn Glu Lys Leu Phe Asn Ile Tyr Leu Lys
645 650 655

Asn Ile Leu Tyr Phe Lys Lys Val Tyr Phe Asn Phe Leu Asp Gln Trp
660 665 670

Trp Thr Glu Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Asp Leu Ile Cys Met Ala Lys
675 680 685

Gln Ser Ile Leu Ala Gln Glu Lys Leu Ile Lys Gln Ile Ile Gln Asn
690 695 700

Lys Leu Gln Asp Leu Phe Lys Ala Asp Ile Ser Met Asp Lys Leu Asn
705 710 715 720

0342941-0584_SL (1)

Leu Met Asn Leu Ala Thr Glu Lys Thr Phe Ile Asp Leu Ser Asn Glu
725 730 735

Ser Gln Ile Ala Ile Asn Asn Ile Asn Asp Phe Leu Asn Lys Ser Ala
740 745 750

Ile Cys Val Phe Asp Thr Asn Ile Tyr Pro Lys Phe Ile Ser Phe Met
755 760 765

Glu Gln Cys Ile Asn Ser Val Asn Ser Asn Val Thr Ala Phe Ile Gln
770 775 780

Lys Cys Thr Asn Ile Thr Glu Asp Glu Lys Leu Gln Leu Ile Lys Leu
785 790 795 800

Asn Thr Phe Met Asn Ile Asp Phe Glu Phe Phe Asp Ile Gln Ser Ile
805 810 815

Lys Asp Leu Ile Thr Ser Glu Thr Asp Leu Ile Lys Glu Glu Lys Glu
820 825 830

Ser Asp Tyr Asn Leu Phe Leu Phe Thr Leu Gln Glu Asp Asn Asn Lys
835 840 845

Val Ile Glu Asp Ile Ser Gly Lys Asn Thr Leu Val Lys Tyr Ser Asp
850 855 860

Ser Ile Ser Leu Val Tyr Gly Val Asn Gly Asp Ala Leu Tyr Leu Lys
865 870 875 880

Glu Pro Asp Glu Ser Val Ser Phe Ser Asn Lys Ala Phe Glu Asn Gly
885 890 895

Leu Thr Asn Ser Phe Ser Ile Cys Phe Trp Leu Arg Asn Leu Gly Glu
900 905 910

Asp Ile Ile Thr Ser Lys Leu Ile Glu Asn Lys Ala Asp Asn Cys Gly
915 920 925

0342941-0584_SL (1)

Trp Glu Ile Tyr Phe Glu Asn Asn Gly Leu Val Phe Ser Ile Val Asp
930 935 940

Cys Asn Gly Asn Glu Glu Asn Ile Tyr Leu Ser Asp Val Ile Ser Lys
945 950 955 960

Asn Trp Tyr Tyr Ile Ser Ile Ser Ile Asp Arg Leu Arg Asn Gln Leu
965 970 975

Leu Ile Phe Ile Asn Asp Lys Leu Ile Ala Asn Gln Ser Ile Glu Gln
980 985 990

Ile Leu Asn Ile Tyr Ser Ser Asn Thr Ile Ser Leu Val Asn Glu Asn
995 1000 1005

Asn Pro Ile Tyr Ile Glu Gly Leu Ser Ile Leu Asn Arg Ser Ile
1010 1015 1020

Thr Ser Glu Glu Val Val Asn Asn Tyr Phe Ser Tyr Leu Asn Asn
1025 1030 1035

Ser Tyr Ile Arg Asp Ile Ser Gly Glu Arg Leu Glu Tyr Asn Lys
1040 1045 1050

Thr Tyr Glu Leu Tyr Asn Tyr Val Phe Pro Glu Asn Ser Leu Tyr
1055 1060 1065

Glu Val Thr Glu Asn Asn Asn Ile Tyr Leu Ser Ile Lys Asp Thr
1070 1075 1080

Asn Asn Leu Asn Ile Gln Gly Ala Lys Phe Lys Leu Ile Asn Ile
1085 1090 1095

Asp Ala Asn Lys Gln Tyr Val Gln Lys Trp Asp Glu Gly Val Val
1100 1105 1110

Cys Leu Leu Gly Asp Glu Glu Lys Tyr Val Asp Ile Ser Ser Glu
1115 1120 1125

0342941-0584_SL (1)

Asn Asn Arg Ile Gln Leu Val Asn Ser Lys Asp Thr Ala Lys Arg
1130 1135 1140

Ile Ile Phe Asn Asn Asp Ile Phe Met Pro Asn Cys Leu Thr Phe
1145 1150 1155

Ala Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Ser Leu Ser Leu Arg Asp Arg Asn
1160 1165 1170

Tyr Asn Trp Met Ile Cys Asn Asn Asn Asp Asn Ile Pro Lys Ala
1175 1180 1185

Ala His Leu Trp Ala Leu Lys Gly Ile
1190 1195

<210> 25

<211> 1196

<212> PRT

<213> Clostridium phage c-st

<400> 25

Met Asp Ile Asn Asp Asp Leu Asn Ile Asn Ser Pro Val Asp Asn Lys
1 5 10 15

Asn Val Val Ile Val Arg Ala Arg Lys Thr Asn Thr Phe Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Lys Val Ala Pro Asn Ile Trp Val Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Pro Leu Asp Ile Ala Glu Glu Tyr Lys Leu Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Gln Asp Ser Glu Arg Glu Asn Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Ile Ile Ile Leu Leu Lys Arg Ile Asn Asn Thr Ile Ser Gly Lys
85 90 95

Gln Leu Leu Ser Leu Ile Ser Thr Ala Ile Pro Phe Pro Tyr Gly Tyr
100 105 110

0342941-0584_SL (1)

Ile Gly Gly Gly Tyr Ser Ser Pro Asn Ile Phe Thr Phe Gly Lys Thr
115 120 125

Pro Lys Ser Asn Lys Lys Leu Asn Ser Leu Val Thr Ser Thr Ile Pro
130 135 140

Phe Pro Phe Gly Gly Tyr Arg Glu Thr Asn Tyr Ile Glu Ser Gln Asn
145 150 155 160

Asn Lys Asn Phe Tyr Ala Ser Asn Ile Ile Ile Phe Gly Pro Gly Ser
165 170 175

Asn Ile Val Glu Asn Asn Val Ile Tyr Tyr Lys Lys Asn Asp Ala Glu
180 185 190

Asn Gly Met Gly Thr Met Ala Glu Ile Val Phe Gln Pro Leu Leu Thr
195 200 205

Tyr Lys Tyr Asn Lys Phe Tyr Ile Asp Pro Ala Met Glu Leu Thr Lys
210 215 220

Cys Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Phe Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Ser Asp
225 230 235 240

Asn Leu Val Val Pro Tyr Arg Leu Arg Thr Glu Leu Asp Asn Lys Gln
245 250 255

Phe Ser Gln Leu Asn Ile Ile Asp Leu Leu Ile Ser Gly Gly Val Asp
260 265 270

Leu Glu Phe Ile Asn Thr Asn Pro Tyr Trp Phe Thr Asn Ser Tyr Phe
275 280 285

Pro Asn Ser Ile Lys Met Phe Glu Lys Tyr Lys Asn Ile Tyr Lys Thr
290 295 300

Glu Ile Glu Gly Asn Asn Ala Ile Gly Asn Asp Ile Lys Leu Arg Leu
305 310 315 320

0342941-0584_SL (1)

Lys Gln Lys Phe Gln Ile Asn Val Gln Asp Ile Trp Asn Leu Asn Leu
325 330 335

Asn Tyr Phe Cys Gln Ser Phe Asn Ser Ile Ile Pro Asp Arg Phe Ser
340 345 350

Asn Ala Leu Lys His Phe Tyr Arg Lys Gln Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr
355 360 365

Thr Asp Asn Tyr Asn Ile Asn Gly Phe Val Asn Gly Gln Ile Asn Thr
370 375 380

Lys Leu Pro Leu Ser Asn Lys Asn Thr Asn Ile Ile Ser Lys Pro Glu
385 390 395 400

Lys Val Val Asn Leu Val Asn Glu Asn Asn Ile Ser Leu Met Lys Ser
405 410 415

Asn Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Gly Thr Thr Glu Asp Phe Tyr Ser
420 425 430

Thr Tyr Lys Ile Pro Tyr Asn Glu Glu Tyr Glu Tyr Arg Phe Asn Asp
435 440 445

Ser Asp Asn Phe Pro Leu Asn Asn Ile Ser Ile Glu Glu Val Asp Ser
450 455 460

Ile Pro Glu Ile Ile Asp Ile Asn Pro Tyr Lys Asp Asn Ser Asp Asn
465 470 475 480

Leu Val Phe Thr Gln Ile Thr Ser Met Thr Glu Glu Val Thr Thr His
485 490 495

Thr Ala Leu Ser Ile Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Ile Thr Asn Asn Glu
500 505 510

Asn Phe Thr Leu Ser Ser Asp Phe Ser Lys Val Val Ser Ser Lys Asp
515 520 525

0342941-0584_SL (1)

Lys Ser Leu Val Tyr Ser Phe Leu Asp Asn Leu Met Ser Tyr Leu Glu
530 535 540

Thr Ile Lys Asn Asp Gly Pro Ile Asp Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Leu
545 550 555 560

Trp Leu Lys Glu Val Phe Lys Asn Tyr Ser Phe Asp Ile Asn Leu Thr
565 570 575

Gln Glu Ile Asp Ser Met Cys Gly Ile Asn Glu Val Val Leu Trp Phe
580 585 590

Gly Lys Ala Leu Asn Ile Leu Asn Thr Ser Asn Ser Phe Val Glu Glu
595 600 605

Tyr Gln Asp Ser Gly Ala Ile Ser Leu Ile Ser Lys Lys Asp Asn Leu
610 615 620

Arg Glu Pro Asn Ile Glu Ile Asp Asp Ile Ser Asp Ser Leu Leu Gly
625 630 635 640

Leu Ser Phe Lys Asp Leu Asn Asn Lys Leu Tyr Glu Ile Tyr Ser Lys
645 650 655

Asn Ile Val Tyr Phe Lys Lys Ile Tyr Phe Ser Phe Leu Asp Gln Trp
660 665 670

Trp Thr Glu Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Glu Leu Ile Cys Met Ala Lys
675 680 685

Gln Ser Ile Leu Ala Gln Glu Ser Leu Val Lys Gln Ile Val Gln Asn
690 695 700

Lys Phe Thr Asp Leu Ser Lys Ala Ser Ile Pro Pro Asp Thr Leu Lys
705 710 715 720

Leu Ile Arg Glu Thr Thr Glu Lys Thr Phe Ile Asp Leu Ser Asn Glu
725 730 735

0342941-0584_SL (1)

Ser Gln Ile Ser Met Asn Arg Val Asp Asn Phe Leu Asn Lys Ala Ser
740 745 750

Ile Cys Val Phe Val Glu Asp Ile Tyr Pro Lys Phe Ile Ser Tyr Met
755 760 765

Glu Lys Tyr Ile Asn Asn Ile Asn Ile Lys Thr Arg Glu Phe Ile Gln
770 775 780

Arg Cys Thr Asn Ile Asn Asp Asn Glu Lys Ser Ile Leu Ile Asn Ser
785 790 795 800

Tyr Thr Phe Lys Thr Ile Asp Phe Lys Phe Leu Asp Ile Gln Ser Ile
805 810 815

Lys Asn Phe Phe Asn Ser Gln Val Glu Gln Val Met Lys Glu Ile Leu
820 825 830

Ser Pro Tyr Gln Leu Leu Leu Phe Ala Ser Lys Gly Pro Asn Ser Asn
835 840 845

Ile Ile Glu Asp Ile Ser Gly Lys Asn Thr Leu Ile Gln Tyr Thr Glu
850 855 860

Ser Ile Glu Leu Val Tyr Gly Val Asn Gly Glu Ser Leu Tyr Leu Lys
865 870 875 880

Ser Pro Asn Glu Thr Ile Lys Phe Ser Asn Lys Phe Phe Thr Asn Gly
885 890 895

Leu Thr Asn Asn Phe Thr Ile Cys Phe Trp Leu Arg Phe Thr Gly Lys
900 905 910

Asn Asp Asp Lys Thr Arg Leu Ile Gly Asn Lys Val Asn Asn Cys Gly
915 920 925

Trp Glu Ile Tyr Phe Glu Asp Asn Gly Leu Val Phe Glu Ile Ile Asp
930 935 940

0342941-0584_SL (1)

Ser Asn Gly Asn Gln Glu Ser Val Tyr Leu Ser Asn Ile Ile Asn Asp
945 950 955 960

Asn Trp Tyr Tyr Ile Ser Ile Ser Val Asp Arg Leu Lys Asp Gln Leu
965 970 975

Leu Ile Phe Ile Asn Asp Lys Asn Val Ala Asn Val Ser Ile Asp Gln
980 985 990

Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Asn Ile Ile Ser Leu Val Asn Lys Asn
995 1000 1005

Asn Ser Ile Tyr Val Glu Glu Leu Ser Val Leu Asp Asn Pro Ile
1010 1015 1020

Thr Ser Glu Glu Val Ile Arg Asn Tyr Phe Ser Tyr Leu Asp Asn
1025 1030 1035

Ser Tyr Ile Arg Asp Ser Ser Lys Ser Leu Leu Glu Tyr Asn Lys
1040 1045 1050

Asn Tyr Gln Leu Tyr Asn Tyr Val Phe Pro Glu Thr Ser Leu Tyr
1055 1060 1065

Glu Val Asn Asp Asn Asn Lys Ser Tyr Leu Ser Leu Lys Asn Thr
1070 1075 1080

Asp Gly Ile Asn Ile Ser Ser Val Lys Phe Lys Leu Ile Asn Ile
1085 1090 1095

Asp Glu Ser Lys Val Tyr Val Gln Lys Trp Asp Glu Cys Ile Ile
1100 1105 1110

Cys Val Leu Asp Gly Thr Glu Lys Tyr Leu Asp Ile Ser Pro Glu
1115 1120 1125

Asn Asn Arg Ile Gln Leu Val Ser Ser Lys Asp Asn Ala Lys Lys
1130 1135 1140

0342941-0584_SL (1)

Ile Thr Val Asn Thr Asp Leu Phe Arg Pro Asp Cys Ile Thr Phe
1145 1150 1155

Ser Tyr Asn Asp Lys Tyr Phe Ser Leu Ser Leu Arg Asp Gly Asp
1160 1165 1170

Tyr Asn Trp Met Ile Cys Asn Asp Asn Asn Lys Val Pro Lys Gly
1175 1180 1185

Ala His Leu Trp Ile Leu Glu Ser
1190 1195

<210> 26

<211> 1196

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum D phage

<400> 26

Met Asp Ile Asn Asp Asp Leu Asn Ile Asn Ser Pro Val Asp Asn Lys
1 5 10 15

Asn Val Val Ile Val Arg Ala Arg Lys Thr Asn Thr Phe Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Lys Val Ala Pro Asn Ile Trp Val Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Pro Leu Asp Ile Ala Glu Glu Tyr Lys Leu Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Gln Asp Ser Glu Arg Glu Asn Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Ile Ile Ile Leu Leu Lys Arg Ile Asn Asn Thr Ile Ser Gly Lys
85 90 95

Gln Leu Leu Ser Leu Ile Ser Thr Ala Ile Pro Phe Pro Tyr Gly Tyr
100 105 110

0342941-0584_SL (1)

Ile Gly Gly Gly Tyr Ser Ser Pro Asn Ile Phe Thr Phe Gly Lys Thr
115 120 125

Pro Lys Ser Asn Lys Lys Leu Asn Ser Leu Val Thr Ser Thr Ile Pro
130 135 140

Phe Pro Phe Gly Gly Tyr Arg Glu Thr Asn Tyr Ile Glu Ser Gln Asn
145 150 155 160

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

Asn Ile Val Glu Asn Asn Val Ile Tyr Tyr Lys Lys Asn Asp Ala Glu
180 185 190

Asn Gly Met Gly Thr Met Ala Glu Ile Val Phe Gln Pro Leu Leu Thr
195 200 205

Tyr Lys Tyr Asn Lys Phe Tyr Ile Asp Pro Ala Met Glu Leu Thr Lys
210 215 220

Cys Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Phe Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Ser Asp
225 230 235 240

Asn Leu Val Val Pro Tyr Arg Leu Arg Thr Glu Leu Asp Asn Lys Gln
245 250 255

Phe Ser Gln Leu Asn Ile Ile Asp Leu Leu Ile Ser Gly Gly Val Asp
260 265 270

Leu Glu Phe Ile Asn Thr Asn Pro Tyr Trp Phe Thr Asn Ser Tyr Phe
275 280 285

Pro Asn Ser Ile Lys Met Phe Glu Lys Tyr Lys Asn Ile Tyr Lys Thr
290 295 300

Glu Ile Glu Gly Asn Asn Ala Ile Gly Asn Asp Ile Lys Leu Arg Leu
305 310 315 320

0342941-0584_SL (1)

Lys Gln Lys Phe Gln Ile Asn Val Gln Asp Ile Trp Asn Leu Asn Leu
325 330 335

Asn Tyr Phe Cys Gln Ser Phe Asn Ser Ile Ile Pro Asp Arg Phe Ser
340 345 350

Asn Ala Leu Lys His Phe Tyr Arg Lys Gln Tyr Tyr Thr Met Asp Tyr
355 360 365

Thr Asp Asn Tyr Asn Ile Asn Gly Phe Val Asn Gly Gln Ile Asn Thr
370 375 380

Lys Leu Pro Leu Ser Asn Lys Asn Thr Asn Ile Ile Ser Lys Pro Glu
385 390 395 400

Lys Val Val Asn Leu Val Asn Glu Asn Asn Ile Ser Leu Met Lys Ser
405 410 415

Asn Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Gly Ser Thr Glu Asp Phe Tyr Ser
420 425 430

Thr Tyr Lys Ile Pro Tyr Asn Glu Glu Tyr Glu Tyr Arg Phe Asn Asp
435 440 445

Ser Asp Asn Phe Pro Leu Asn Asn Ile Ser Ile Glu Glu Val Asp Ser
450 455 460

Ile Pro Glu Ile Ile Asp Ile Asn Pro Tyr Lys Asp Asn Ser Asp Asn
465 470 475 480

Leu Val Phe Thr Gln Ile Thr Ser Met Thr Glu Glu Val Thr Thr His
485 490 495

Thr Ala Leu Ser Ile Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Ile Thr Asn Asn Glu
500 505 510

Asn Phe Thr Leu Ser Ser Asp Phe Ser Lys Val Val Ser Ser Lys Asp
515 520 525

0342941-0584_SL (1)

Lys Ser Leu Val Tyr Ser Phe Leu Asp Asn Leu Met Ser Tyr Leu Glu
530 535 540

Thr Ile Lys Asn Asp Gly Pro Ile Asp Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Leu
545 550 555 560

Trp Leu Lys Glu Val Phe Lys Asn Tyr Ser Phe Asp Ile Asn Leu Thr
565 570 575

Gln Glu Ile Asp Ser Met Cys Gly Ile Asn Glu Val Val Leu Trp Phe
580 585 590

Gly Lys Ala Leu Asn Ile Leu Asn Thr Ser Asn Ser Phe Val Glu Glu
595 600 605

Tyr Gln Asp Ser Gly Ala Ile Ser Leu Ile Ser Lys Lys Asp Asn Leu
610 615 620

Arg Glu Pro Asn Ile Glu Ile Asp Asp Ile Ser Asp Ser Leu Leu Gly
625 630 635 640

Leu Ser Phe Lys Asp Leu Asn Asn Lys Leu Tyr Glu Ile Tyr Ser Lys
645 650 655

Asn Ile Val Tyr Phe Lys Lys Ile Tyr Phe Ser Phe Leu Asp Gln Trp
660 665 670

Trp Thr Glu Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Glu Leu Ile Cys Met Ala Lys
675 680 685

Gln Ser Ile Leu Ala Gln Glu Ser Leu Val Lys Gln Ile Val Gln Asn
690 695 700

Lys Phe Thr Asp Leu Ser Lys Ala Ser Ile Pro Pro Asp Thr Leu Lys
705 710 715 720

Leu Ile Arg Glu Thr Thr Glu Lys Thr Phe Ile Asp Leu Ser Asn Glu
725 730 735

0342941-0584_SL (1)

Ser Gln Ile Ser Met Asn Arg Val Asp Asn Phe Leu Asn Lys Ala Ser
740 745 750

Ile Cys Val Phe Val Glu Asp Ile Tyr Pro Lys Phe Ile Ser Tyr Met
755 760 765

Glu Lys Tyr Ile Asn Asn Ile Asn Ile Lys Thr Arg Glu Phe Ile Gln
770 775 780

Arg Cys Thr Asn Ile Asn Asp Asn Glu Lys Ser Ile Leu Ile Asn Ser
785 790 795 800

Tyr Thr Phe Lys Thr Ile Asp Phe Lys Phe Leu Asp Ile Gln Ser Ile
805 810 815

Lys Asn Phe Phe Asn Ser Gln Val Glu Gln Val Met Lys Glu Ile Leu
820 825 830

Ser Pro Tyr Gln Leu Leu Leu Phe Ala Ser Lys Gly Pro Asn Ser Asn
835 840 845

Ile Ile Glu Asp Ile Ser Gly Lys Asn Thr Leu Ile Gln Tyr Thr Glu
850 855 860

Ser Ile Glu Leu Val Tyr Gly Val Asn Gly Glu Ser Leu Tyr Leu Lys
865 870 875 880

Ser Pro Asn Glu Thr Ile Lys Phe Ser Asn Lys Phe Phe Thr Asn Gly
885 890 895

Leu Thr Asn Asn Phe Thr Ile Cys Phe Trp Leu Arg Phe Thr Gly Lys
900 905 910

Asn Asp Asp Lys Thr Arg Leu Ile Gly Asn Lys Val Asn Asn Cys Gly
915 920 925

Trp Glu Ile Tyr Phe Glu Asp Asn Gly Leu Val Phe Glu Ile Ile Asp
930 935 940

0342941-0584_SL (1)

Ser Asn Gly Asn Gln Glu Ser Val Tyr Leu Ser Asn Ile Ile Asn Asp
945 950 955 960

Asn Trp Tyr Tyr Ile Ser Ile Ser Val Asp Arg Leu Lys Asp Gln Leu
965 970 975

Leu Ile Phe Ile Asn Asp Lys Asn Val Ala Asn Val Ser Ile Asp Gln
980 985 990

Ile Leu Ser Ile Tyr Ser Thr Asn Ile Ile Ser Leu Val Asn Lys Asn
995 1000 1005

Asn Ser Ile Tyr Val Glu Glu Leu Ser Val Leu Asp Asn Pro Ile
1010 1015 1020

Thr Ser Glu Glu Val Ile Arg Asn Tyr Phe Ser Tyr Leu Asp Asn
1025 1030 1035

Ser Tyr Ile Arg Asp Ser Ser Lys Ser Leu Leu Glu Tyr Asn Lys
1040 1045 1050

Asn Tyr Gln Leu Tyr Asn Tyr Val Phe Pro Glu Thr Ser Leu Tyr
1055 1060 1065

Glu Val Asn Asp Asn Asn Lys Ser Tyr Leu Ser Leu Lys Asn Thr
1070 1075 1080

Asp Gly Ile Asn Ile Ser Ser Val Lys Phe Lys Leu Ile Asn Ile
1085 1090 1095

Asp Glu Ser Lys Gly Tyr Val Gln Lys Trp Asp Glu Cys Ile Ile
1100 1105 1110

Cys Val Leu Asp Gly Thr Glu Lys Tyr Leu Asp Ile Ser Pro Glu
1115 1120 1125

Asn Asn Arg Ile Gln Leu Val Ser Ser Lys Asp Asn Ala Lys Lys
1130 1135 1140

0342941-0584_SL (1)

Ile Thr Val Asn Thr Asp Leu Phe Arg Pro Asp Cys Ile Thr Phe
1145 1150 1155

Ser Tyr Asn Asp Lys Tyr Phe Ser Leu Ser Leu Arg Asp Gly Asp
1160 1165 1170

Tyr Asn Trp Met Ile Cys Asn Asp Asn Asn Lys Val Pro Lys Gly
1175 1180 1185

Ala His Leu Trp Ile Leu Glu Ser
1190 1195

<210> 27

<211> 1163

<212> PRT

<213> Clostridium butyricum

<400> 27

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

Asn Val Ala Ile Val Arg Ser Arg Lys Ser Asp Val Phe Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Gln Val Ala Pro Asn Ile Trp Ile Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Ser Leu Lys Ile Asn Glu Asp Gln Lys Ser Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Thr Asn Asn Glu Lys Asp Glu Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Thr Ile Lys Leu Leu Gln Arg Ile Asn Asn Asn Val Val Gly Ala
85 90 95

Lys Leu Leu Ser Leu Ile Ser Thr Ala Ile Pro Phe Pro Tyr Glu Asn
100 105 110

Asn Thr Glu Asp Tyr Arg Gln Thr Asn Tyr Leu Ser Ser Lys Asn Asn
115 120 125

0342941-0584_SL (1)

Glu His Tyr Tyr Thr Ala Asn Leu Val Ile Phe Gly Pro Gly Ser Asn
130 135 140

Ile Ile Lys Asn Asn Val Ile Tyr Tyr Lys Lys Glu Tyr Ala Glu Asn
145 150 155 160

Gly Met Gly Thr Met Leu Glu Ile Trp Phe Gln Pro Phe Leu Thr His
165 170 175

Lys Tyr Asp Glu Phe Tyr Val Asp Pro Ala Leu Glu Leu Ile Lys Cys
180 185 190

Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Tyr Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Asn Asp Asn
195 200 205

Leu Asn Ile Pro Tyr Arg Leu Arg Asn Glu Phe Asn Ser Leu Glu Tyr
210 215 220

Ser Glu Leu Asp Met Ile Asp Phe Leu Ile Ser Gly Gly Ile Asp Tyr
225 230 235 240

Lys Leu Leu Asn Thr Asn Pro Tyr Trp Phe Ile Asp Lys Tyr Phe Ile
245 250 255

Asp Thr Ser Lys Asn Phe Glu Lys Tyr Lys Asn Asp Tyr Glu Ile Lys
260 265 270

Ile Lys Asn Asn Asn Tyr Ile Ala Asn Ser Ile Lys Leu Tyr Leu Glu
275 280 285

Gln Lys Phe Lys Ile Asn Val Lys Asp Ile Trp Glu Leu Asn Leu Ser
290 295 300

Tyr Phe Ser Lys Glu Phe Gln Ile Met Met Pro Glu Arg Tyr Asn Asn
305 310 315 320

Ala Leu Asn His Tyr Tyr Arg Lys Glu Tyr Tyr Val Ile Asp Tyr Phe
325 330 335

Lys Asn Tyr Asn Ile Asn Gly Phe Lys Asn Gly Gln Ile Lys Thr Lys
 340 345 350

Leu Pro Leu Ser Lys Tyr Asn Lys Glu Ile Ile Asn Lys Pro Glu Leu
 355 360 365

Ile Val Asn Leu Ile Asn Gln Asn Asn Thr Val Leu Met Lys Ser Asn
 370 375 380

Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Gly Thr Val Asp Asn Phe Tyr Ser Asn
 385 390 395 400

Tyr Ile Ile Pro Tyr Asn Leu Asn Tyr Glu His Ser Ile Asn Tyr Ser
 405 410 415

Tyr Leu Asp Asn Val Asn Ile Glu Glu Ile Glu Lys Ile Pro Pro Ile
 420 425 430

Asn Asp Glu Asp Ile Tyr Pro Tyr Arg Lys Asn Ala Asp Thr Phe Ile
 435 440 445

Pro Val Tyr Asn Ile Thr Lys Ala Lys Glu Ile Asn Thr Thr Thr Pro
 450 455 460

Leu Pro Val Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Met Ile Asp Ser Asn Asp Ile
 465 470 475 480

Asn Leu Ser Ser Asp Phe Leu Lys Val Ile Ser Ser Lys Gly Ser Leu
 485 490 495

Val Tyr Ser Phe Leu Asn Asn Thr Met Asp Tyr Leu Glu Phe Ile Lys
 500 505 510

Tyr Asp Lys Pro Ile Asp Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Lys Trp Leu Lys
 515 520 525

Ala Ile Phe Arg Asn Tyr Ser Leu Asp Ile Thr Glu Thr Gln Glu Ile
 530 535 540

0342941-0584_SL (1)

Ser Asn Gln Phe Gly Asp Thr Lys Ile Ile Pro Trp Ile Gly Arg Ala
545 550 555 560

Leu Asn Ile Leu Asn Thr Asn Asn Ser Phe Val Glu Glu Phe Lys Asn
565 570 575

Leu Gly Pro Ile Ser Leu Ile Asn Lys Lys Glu Asn Ile Thr Ile Pro
580 585 590

Lys Ile Lys Ile Asp Glu Ile Pro Ser Ser Met Leu Asn Phe Ser Phe
595 600 605

Lys Asp Leu Ser Glu Asn Leu Phe Asn Ile Tyr Cys Lys Asn Asn Phe
610 615 620

Tyr Leu Lys Lys Ile Tyr Tyr Asn Phe Leu Asp Gln Trp Trp Thr Gln
625 630 635 640

Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Asp Leu Ile Cys Met Ala Ser Lys Ser Val
645 650 655

Leu Ala Gln Glu Lys Leu Ile Lys Lys Leu Ile Gln Lys Gln Leu Arg
660 665 670

Tyr Leu Met Glu Asn Ser Asn Ile Ser Ser Thr Asn Leu Ile Leu Ile
675 680 685

Asn Leu Thr Thr Thr Asn Thr Leu Arg Asp Ile Ser Asn Gln Ser Gln
690 695 700

Ile Ala Ile Asn Asn Ile Asp Lys Phe Phe Asn Asn Ala Ala Met Cys
705 710 715 720

Val Phe Glu Asn Asn Ile Tyr Pro Lys Phe Thr Ser Phe Met Glu Gln
725 730 735

Cys Ile Lys Asn Ile Asn Lys Ser Thr Lys Glu Phe Ile Leu Lys Cys
740 745 750

0342941-0584_SL (1)

Thr Asn Ile Asn Glu Thr Glu Lys Ser His Leu Ile Met Gln Asn Ser
755 760 765

Phe Ser Asn Leu Asp Phe Asp Phe Leu Asp Ile Gln Asn Met Lys Lys
770 775 780

Leu Phe Asn Ser Tyr Thr Glu Leu Leu Ile Lys Glu Gln Thr Ser Pro
785 790 795 800

Tyr Glu Leu Ser Leu Tyr Ala Phe Gln Glu Gln Asp Asn Asn Val Ile
805 810 815

Gly Asp Thr Ser Gly Lys Asn Thr Leu Val Glu Tyr Pro Lys Asp Ile
820 825 830

Gly Leu Val Tyr Gly Ile Asn Asn Asn Ala Ile His Leu Thr Gly Ala
835 840 845

Asn Gln Asn Ile Lys Phe Thr Asn Asp Tyr Phe Glu Asn Gly Leu Thr
850 855 860

Asn Asn Phe Ser Ile Tyr Phe Trp Leu Arg Asn Leu Asn Gln Asn Thr
865 870 875 880

Ile Lys Ser Lys Leu Ile Gly Ser Lys Glu Asp Asn Cys Gly Trp Glu
885 890 895

Ile Tyr Phe Glu Asn Asn Gly Leu Val Phe Asn Ile Ile Asp Ser Asn
900 905 910

Gly Asn Glu Lys Asn Ile Tyr Leu Ser Asn Ile Ser Asn Lys Ser Trp
915 920 925

His Tyr Ile Val Ile Ser Ile Asn Arg Leu Lys Asp Gln Leu Leu Ile
930 935 940

Phe Ile Asp Asn Ile Leu Val Ala Asn Glu Asp Ile Lys Glu Ile Leu
945 950 955 960

0342941-0584_SL (1)

Asn Ile Tyr Ser Ser Asp Ile Ile Ser Leu Leu Ser Asp Asn Asn Asn
965 970 975

Val Tyr Ile Glu Gly Leu Ser Val Leu Asn Lys Thr Ile Asn Ser Asn
980 985 990

Glu Ile Leu Thr Asp Tyr Phe Ser Asp Leu Asn Asn Ser Tyr Ile Arg
995 1000 1005

Asn Phe Asp Glu Glu Ile Leu Gln Tyr Asn Arg Thr Tyr Glu Leu
1010 1015 1020

Phe Asn Tyr Val Phe Pro Glu Ile Ala Ile Asn Lys Ile Glu Gln
1025 1030 1035

Asn Asn Asn Ile Tyr Leu Ser Asn Asn Asn Glu Asn Ser Leu Asn
1040 1045 1050

Phe Lys Pro Leu Lys Phe Lys Leu Leu Asn Thr Asn Pro Asn Lys
1055 1060 1065

Gln Tyr Val Gln Lys Trp Asp Glu Val Ile Phe Ser Val Leu Asp
1070 1075 1080

Gly Thr Glu Lys Tyr Leu Asp Ile Ser Ile Asp Asn Asn Arg Ile
1085 1090 1095

Gln Leu Val Asp Asn Lys Asn Asn Ala Lys Thr Phe Ile Ile Asn
1100 1105 1110

Asn Asp Ile Phe Ile Ser Asn Cys Leu Thr Leu Thr Tyr Asn Asn
1115 1120 1125

Val Asn Val Tyr Leu Ser Ile Lys Asn Gln Asp Tyr Asn Trp Val
1130 1135 1140

Ile Cys Asp Leu Asn His Asp Ile Pro Lys Lys Ser Tyr Leu Trp
1145 1150 1155

Ile Leu Lys Asn Ile
1160

<210> 28

<211> 1165

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum

<400> 28

Met Lys Ile Asn Asp Asp Leu Asn Ile Asn Ser Pro Val Asp Asn Lys
1 5 10 15

Asn Val Val Ile Val Arg Ala Arg Lys Thr Asn Ile Phe Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Gln Val Ala Pro Asn Ile Trp Val Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Pro Leu Asn Ile Ser Asp Gln Glu Lys Ser Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

Asp Glu Asn Phe Leu Lys Glu Asn Ser Glu Lys Glu Glu Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Ile Ile Leu Leu Leu Lys Arg Ile Asn Asn Asn Ile Ile Gly Gln
85 90 95

Lys Leu Leu Ser Leu Met Cys Thr Ser Ile Pro Phe Leu His Glu Tyr
100 105 110

Lys Gln Gly Asp Tyr Arg Gln Ser Asn Tyr Leu Gly Ser Lys Asn Ser
115 120 125

Glu Tyr Leu Tyr Ser Ala Asn Ile Val Ile Phe Gly Pro Gly Ser Asn
130 135 140

Ile Val Lys Asn Asn Thr Ile Tyr Tyr Lys Lys Asn Phe Ala Glu Asn
145 150 155 160

0342941-0584_SL (1)

Gly Met Gly Thr Met Ala Glu Ile Leu Phe Gln Pro Phe Leu Thr Tyr
165 170 175

Lys Tyr Asn Gln Phe Tyr Ala Asp Pro Ala Leu Glu Leu Ile Lys Cys
180 185 190

Leu Ile Lys Ala Ile Tyr Phe Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Asn Asp Asn
195 200 205

Leu Asn Ile Pro Tyr Arg Leu Arg Asn Glu Phe Ser Asn Val Glu Tyr
210 215 220

Ser Glu Leu Asn Ile Ile Asp Phe Leu Ile Ser Gly Gly Ile Asp Tyr
225 230 235 240

Lys Phe Ile Asn Thr Asn Pro Tyr Trp Phe Ile Asp Asn Tyr Phe Ile
245 250 255

Asp Val Pro Lys Val Phe Glu Lys His Lys Asn Asp Tyr Glu Ile Asn
260 265 270

Ile Lys Asn Asn Ser Glu Ile Gly Thr Ser Ile Lys Leu Tyr Leu Glu
275 280 285

Gln Lys Phe Lys Thr Asn Val Gln Asp Ile Trp Glu Leu Asn Leu Ser
290 295 300

Tyr Phe Ser Lys Glu Phe Gln Ile Met Met Pro Glu Lys His Asn Asn
305 310 315 320

Ala Leu Lys His Tyr Tyr Arg Lys Glu Tyr Tyr Lys Ile Asn Tyr Ser
325 330 335

Lys Gln Tyr Asp Ile Asn Gly Phe Val Asn Gly Gln Ile Ala Thr Lys
340 345 350

Leu Leu Leu Ser Glu Lys Asn Gln Tyr Ile Ile Asn Lys Pro Gln Leu
355 360 365

0342941-0584_SL (1)

Ile Ile Asn Leu Ile Asn Lys Ser Asn Asn Ser Leu Leu Met Lys Ser
370 375 380

Asn Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Asn Gly Thr Thr Asp Asn Phe Tyr Arg
385 390 395 400

Asn Tyr Lys Ile Pro Asp Asn Ile Ala Tyr Gln Tyr His Pro Asn Asn
405 410 415

Thr Tyr Leu Asp Asn Val Asn Ile Glu Glu Ile Asn Asn Ile Pro Gln
420 425 430

Ile Thr Asp Ala Asp Ile Tyr Pro Tyr Thr Asn Asn Cys Asp Thr Phe
435 440 445

Ile Pro Ile Tyr Asn Ile Thr Gln Ser Arg Glu Ile Asn Thr Thr Val
450 455 460

Pro Tyr Ser Ile Asn Tyr Leu Gln Ser Gln Ile Met Asn Ser Asp Asp
465 470 475 480

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

Ser Leu Val Tyr Ser Tyr Leu Asp Asn Val Ile Asn Tyr Leu Asp Ser
500 505 510

Ile Lys Asn Asn Thr Pro Ile Asn Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Leu Trp
515 520 525

Leu Lys Glu Ile Phe Arg Asn Tyr Ser Phe Asp Ile Thr Ala Thr Glu
530 535 540

Glu Ile Thr Thr Glu Cys Gly Ile Asn Lys Ile Val Ser Trp Phe Gly
545 550 555 560

Lys Ala Phe Asn Ile Leu Asn Thr Asp Asn Ser Phe Lys Ile Glu Phe
565 570 575

0342941-0584_SL (1)

Gln Asn Ser Gly Ala Ile Ala Leu Ile Asn Lys Lys Asp Asn Ile Ile
580 585 590

Ile Pro Lys Ile Glu Ile Asp Glu Met Pro Asn Ser Met Leu Asn Leu
595 600 605

Ser Phe Glu Asp Leu Asn Glu Gln Leu Tyr Ser Ile Tyr Ser Lys Asn
610 615 620

Ile Thr Tyr Phe Lys Lys Ile Tyr Tyr Asn Phe Leu Asp Gln Trp Trp
625 630 635 640

Thr Glu Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Asp Leu Ile Cys Met Ala Lys Lys
645 650 655

Ser Ile Leu Ala Gln Glu Asn Leu Ile Lys Lys Ile Ile Gln Lys Lys
660 665 670

Ile Ser Tyr Leu Ile Gly Ala Ser Asn Ile Pro Asp Asp Ile Leu Ala
675 680 685

Val Met Arg Leu Thr Thr Thr Asn Thr Leu Arg Asp Ile Ser Val Glu
690 695 700

Ser Gln Ile Ala Met Asn Asn Leu Asn Asn Phe Leu Asn Lys Ala Ala
705 710 715 720

Met Cys Val Phe Gln Ser Asn Ile Tyr Pro Lys Phe Ile Ser Phe Met
725 730 735

Glu Gln Cys Ile Lys His Ile Asn Lys Ser Thr Lys Glu Phe Ile Gln
740 745 750

Lys Cys Thr Asn Ile Asn Glu Thr Glu Lys Leu Gln Leu Ile Met Gln
755 760 765

Asn Ser Phe Ser Asn Leu Asp Phe Asp Phe Leu Asp Ile Gln Asn Met
770 775 780

0342941-0584_SL (1)

Lys Asn Leu Phe Asn Ser Tyr Thr Glu Leu Leu Ile Lys Glu Gln Thr
785 790 795 800

Ser Pro Tyr Glu Leu Ser Leu Tyr Ala Phe Glu Glu Gln Asp Asn Asn
805 810 815

Val Ile Gly Asp Ala Ser Gly Lys Asn Thr Leu Val Glu Tyr Pro Lys
820 825 830

Gly Ile Glu Leu Val Tyr Gly Ile Asn Asn Ser Ala Leu Tyr Leu Asn
835 840 845

Gly Ser Asn Gln Ser Ile Ile Phe Thr Asn Asp Tyr Phe Glu Asn Gly
850 855 860

Leu Thr Asn Ser Phe Ser Ile Tyr Phe Trp Leu Arg Asn Leu Gly Gln
865 870 875 880

Asp Thr Ile Lys Ser Lys Leu Ile Gly Ser Lys Glu Tyr Asn Cys Gly
885 890 895

Trp Glu Ile Tyr Phe Gln Glu Ile Gly His Val Phe Asn Met Ile Asp
900 905 910

Ser Asn Gly Asn Glu Lys Asn Ile Tyr Leu Ser Asp Val Ser Asn Asn
915 920 925

Ser Trp His Tyr Ile Thr Ile Ser Val Asp Arg Leu Lys Glu Gln Leu
930 935 940

Leu Ile Phe Ile Asp Asp Asn Leu Val Val Asn Glu Ser Ile Lys Asp
945 950 955 960

Ile Leu Asn Ile Tyr Ser Ser Asn Ile Ile Ser Leu Leu Ser Asp Asn
965 970 975

Lys Ala Ser Tyr Ile Glu Gly Leu Thr Ile Leu Asn Lys Pro Thr Thr
980 985 990

0342941-0584_SL (1)

Gly Glu Glu Val Leu Arg Asn Tyr Phe Lys Asn Leu Asn Asn Ser Tyr
 995 1000 1005

Val Arg Asp Ser Asn Asp Glu Arg Leu Glu Tyr Asn Lys Thr Tyr
 1010 1015 1020

Gln Leu Tyr Asp Tyr Val Phe Pro Asp Asn Pro Ile Cys Glu Val
 1025 1030 1035

Lys Gln Asp Asn Asn Ile Tyr Leu Thr Ile Asn Asn Ile Asn Asn
 1040 1045 1050

Leu Asn Met Lys Pro Cys Lys Phe Lys Leu Leu Ser Ile Asn Ser
 1055 1060 1065

Asn Lys Gln Tyr Val Gln Lys Trp Asp Glu Val Ile Ile Ser Val
 1070 1075 1080

Leu Tyr Asp Thr Glu Lys Tyr Val Cys Ile Ser Asn Glu Asn Asn
 1085 1090 1095

Arg Val Lys Ile Ile Asp Asn Lys Ile Met Gln Val Lys Phe Ile
 1100 1105 1110

Ile Ser Asn Asp Ile Phe Ile Ser Asn Cys Leu Thr His Ala His
 1115 1120 1125

Asn Asn Lys Tyr Ile Cys Leu Ser Met Lys Asp Glu Asn Tyr Asn
 1130 1135 1140

Trp Met Ile Cys Asn Asn Glu Ser Asn Ile Pro Lys Lys Ala Tyr
 1145 1150 1155

Leu Trp Ile Leu Lys Glu Val
 1160 1165

<210> 29

<211> 1198

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum

0342941-0584_SL (1)

<400> 29

Met Lys Ile Asn Ser Asn Leu Thr Ile Asn Ser Pro Ile Asp Asn Lys
1 5 10 15

Asn Val Val Ile Val Arg Ala Arg Glu Thr Ser Lys Phe Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Lys Val Ala Pro Asn Ile Trp Val Ala Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Ser Leu Ser Ile Glu Glu Ser Lys Lys Val Asn Gly Gly Val Tyr
50 55 60

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Gln Asn Asn Glu Lys Asp Lys Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Ile Ile Thr Leu Leu Lys Arg Ile Asn Ser Asn Ile Ala Gly Glu
85 90 95

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

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

Ile Lys Tyr Asn Lys Lys Ile Asn Ser Leu Ile Ser Thr Thr Ile Pro
130 135 140

Phe Pro Tyr Gly Gly Tyr Arg Glu Thr Asn Tyr Leu Ser Ser Lys Asp
145 150 155 160

Thr Glu Asn Phe Tyr Ala Ala Asn Ile Val Ile Phe Gly Pro Gly Ala
165 170 175

Asn Ile Val Glu Asn Asn Thr Val Phe Tyr Lys Lys Glu Asp Ala Glu
180 185 190

Asn Gly Met Gly Thr Met Ala Glu Ile Cys Phe Gln Pro Phe Leu Thr
195 200 205

0342941-0584_SL (1)

Tyr Lys Tyr Asp Gln Phe Tyr Val Asp Pro Ala Leu Glu Leu Met Glu
210 215 220

Cys Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Phe Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Asn Asn
225 230 235 240

Asn Leu Thr Val Pro Tyr Arg Leu Arg Asn Glu Leu Ser Asn Ile Glu
245 250 255

Phe Ser Gln Leu Ser Ile Val Asp Leu Leu Ile Ser Gly Gly Ile Asp
260 265 270

Ser Lys Phe Ile Asn Thr Asp Pro Tyr Trp Phe Ile Asp Ser Tyr Phe
275 280 285

Ser Asn Ala Lys Thr Thr Phe Glu Glu His Lys Ser Ile Tyr Glu Thr
290 295 300

Glu Ile Lys Gly Asn Asn Ala Ile Gly Asn Asp Ile Lys Leu Arg Leu
305 310 315 320

Lys Gln Lys Phe Gln Thr Thr Val His Asp Ile Trp Gln Leu Asn Leu
325 330 335

Asp Tyr Phe Ser Lys Glu Phe Gln Ile Met Met Pro Tyr Arg Phe Asn
340 345 350

Asn Ala Leu Lys Tyr Tyr Tyr Arg Lys Glu Tyr Tyr Lys Ile Asp Tyr
355 360 365

Pro Glu Lys Tyr Ser Ile Ala Gly Phe Val Asp Gly Gln Leu Asn Thr
370 375 380

Gln Leu Ser Leu Ser Asp Lys Asn Gln Tyr Ile Ile Asn Lys Pro Glu
385 390 395 400

Leu Ile Val Asn Leu Ile Ser Glu Asn Asn Ile Ser Leu Met Arg Ser
405 410 415

0342941-0584_SL (1)

Asn Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Tyr Thr Thr Asp Asn Phe Tyr Ser
420 425 430

Thr Tyr Lys Ile Pro Tyr Asn Arg Ala Tyr Glu Tyr His Phe Asn Asn
435 440 445

Ser Ser Thr Ser Ser Leu Glu Asn Val Asn Val Glu Glu Ile Ser Asn
450 455 460

Ile Pro Glu Ile Ile Asp Ile Asn Pro Tyr Arg Glu Asn Ser Asp Ile
465 470 475 480

Phe Ser Pro Val Glu Asn Ile Ile Glu Thr Lys Glu Val Asn Thr Lys
485 490 495

Thr Pro Trp Pro Ile Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Ile Pro Asn Asn Glu
500 505 510

Glu Phe Thr Leu Ser Ser Asp Phe Ser Gln Val Val Ser Tyr Lys Thr
515 520 525

Gln Ser Leu Val Tyr Ser Phe Leu Ser Asn Val Ile Ser Tyr Leu Asp
530 535 540

Ser Val Lys Asp Thr Asn Pro Ile Asp Thr Asp Glu Lys Tyr Tyr Leu
545 550 555 560

Trp Leu Arg Glu Ile Phe Arg Asn Tyr Ser Phe Asp Ile Thr Ala Ile
565 570 575

Glu Glu Ile Asn Thr Ser Cys Gly Ile Asn Lys Val Val Ser Trp Phe
580 585 590

Gly Lys Ala Leu Asn Ile Leu Asn Thr Ser Asn Ser Phe Val Lys Glu
595 600 605

Phe Lys Asn Leu Gly Pro Ile Ser Leu Ile Asn Lys Lys Glu Asn Leu
610 615 620

Ser Met Pro Ile Ile Glu Val Asn Glu Ile Pro Asn Asp Met Leu Gly
 625 630 635 640

Leu Ser Leu Lys Asp Leu Asn Glu Lys Leu Phe Asn Ile Tyr Leu Lys
 645 650 655

Asn Ile Leu Tyr Phe Lys Lys Val Tyr Phe Ser Phe Leu Asp Gln Trp
 660 665 670

Trp Thr Glu Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Gly Leu Ile Cys Met Ala Lys
 675 680 685

Gln Ser Ile Leu Ala Gln Glu Asn Leu Ile Lys Lys Ile Val Gln Lys
 690 695 700

Lys Leu Ser Asp Leu Ser Lys Gln Ser Asn Ile Ser Asn Glu Lys Leu
 705 710 715 720

Asn Leu Met Asn Leu Thr Thr Glu Lys Thr Phe Ile Asp Leu Ser Asn
 725 730 735

Gln Ser Gln Ile Ala Met Asn Asn Ile Asn Asn Phe Leu Asn Lys Ala
 740 745 750

Ala Ile Cys Val Phe Glu Ser Asn Ile Tyr Pro Lys Phe Ile Ser Phe
 755 760 765

Met Glu Gln Tyr Ile Asn Asn Ile Asn Ile Lys Thr Thr Ala Phe Ile
 770 775 780

Arg Lys Cys Thr Asn Ile Thr Glu Lys Glu Lys Leu Gln Leu Ile Asn
 785 790 795 800

Gln Asn Thr Phe Asn Asn Leu Asp Phe Glu Phe Phe Asp Ile Gln Thr
 805 810 815

Ile Glu Asn Leu Leu Thr Ser Glu Thr Asn Leu Ile Ile Lys Glu Lys
 820 825 830

0342941-0584_SL (1)

Thr Ser Pro Tyr Asp Leu Leu Leu Phe Ser Leu Gln Glu Ala Asp Arg
835 840 845

Lys Val Ile Lys Asp Ile Ser Gly Lys Asp Thr Leu Val Gln Tyr Ser
850 855 860

Asp Thr Ile Asp Leu Ser Tyr Gly Val Asn Gly Asp Ala Leu Tyr Leu
865 870 875 880

Lys Glu Pro Asn Gln Ser Val Asn Phe Ser Asn Asn Ile Phe Glu Asn
885 890 895

Gly Leu Thr Asn Ser Phe Ser Ile Cys Phe Trp Leu Arg Asn Leu Gly
900 905 910

Gln Asp Asn Leu Ser Ser Asn Leu Ile Gly Asn Ile Val Asn Asn Cys
915 920 925

Gly Trp Gln Ile Tyr Phe Glu Asn Asn Gly Leu Val Phe Ser Met Val
930 935 940

Asp Cys Asn Gly Asn Glu Lys Asn Ile Tyr Leu Ser Asp Val Leu Ser
945 950 955 960

Lys Tyr Trp Tyr Tyr Ile Ser Val Ser Val Asp Arg Leu Arg Asn Lys
965 970 975

Leu Leu Ile Phe Ile Asn Asp Lys Leu Ile Val Asn Glu Ser Ile Glu
980 985 990

Gln Ile Leu Asn Ile Tyr Ser Ser Asn Ile Ile Ser Leu Val Asn Glu
995 1000 1005

Asn Asn Pro Ile Cys Ile Glu Glu Leu Ser Ile Leu Asn Lys Ala
1010 1015 1020

Leu Thr Ser Glu Glu Val Leu Asn Ser Tyr Phe Thr Asn Leu Asn
1025 1030 1035

0342941-0584_SL (1)

Asn Ser Tyr Ile Arg Asp Ser Tyr Gly Ala Arg Leu Glu Tyr Asn
1040 1045 1050

Lys Asn Tyr Glu Leu Tyr Asn Tyr Val Phe Pro Glu Asn Ser Leu
1055 1060 1065

Tyr Glu Val Ile Glu Asn Asn Asn Met Tyr Leu Ser Ile Lys Asn
1070 1075 1080

Ile Lys Asn Thr Asn Ile Leu Gly Ala Lys Phe Lys Leu Ile Asn
1085 1090 1095

Thr Asp Glu Ser Lys Gln Tyr Val Gln Lys Trp Asp Glu Val Ile
1100 1105 1110

Ile Cys Val Leu Gly Asp Thr Glu Lys Tyr Ala Asp Ile Gln Ala
1115 1120 1125

Gly Asn Asn Arg Ile Gln Leu Val Asn Ser Lys Asp Asn Ala Arg
1130 1135 1140

Lys Ile Ile Val Asn Asn Asn Ile Phe Arg Pro Asn Cys Val Leu
1145 1150 1155

Phe Ser Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Ser Leu Ser Leu Arg Asn Arg
1160 1165 1170

Asn Tyr Asn Trp Met Ile Cys Asn Asp Asn Ser Phe Ile Pro Lys
1175 1180 1185

His Ala His Leu Trp Ile Leu Lys Lys Ile
1190 1195

<210> 30

<211> 1163

<212> PRT

<213> Clostridium botulinum

<400> 30

0342941-0584_SL (1)

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

Asn Val Ala Ile Val Arg Ser Arg Lys Ser Asp Val Phe Phe Lys Ala
20 25 30

Phe Gln Val Ala Pro Asn Ile Trp Ile Val Pro Glu Arg Tyr Tyr Gly
35 40 45

Glu Ser Leu Lys Ile Asn Glu Asp Gln Lys Phe Asp Gly Gly Ile Tyr
50 55 60

Asp Ser Asn Phe Leu Ser Thr Asn Asn Glu Lys Asp Asp Phe Leu Gln
65 70 75 80

Ala Thr Ile Lys Leu Leu Gln Arg Ile Asn Asn Asn Val Val Gly Ala
85 90 95

Lys Leu Leu Ser Leu Ile Ser Thr Ala Ile Pro Phe Pro Tyr Glu Asn
100 105 110

Asn Thr Glu Asp Tyr Arg Gln Thr Asn Tyr Leu Ser Ser Lys Asn Asn
115 120 125

Glu His Tyr Tyr Thr Ala Asn Leu Val Ile Phe Gly Pro Gly Ser Asn
130 135 140

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

Gly Met Gly Thr Met Leu Glu Ile Trp Phe Gln Pro Phe Leu Thr His
165 170 175

Lys Tyr Asp Glu Phe Tyr Val Asp Pro Ala Leu Glu Leu Ile Lys Cys
180 185 190

Leu Ile Lys Ser Leu Tyr Tyr Leu Tyr Gly Ile Lys Pro Asn Asp Asn
195 200 205

0342941-0584_SL (1)

Leu Asn Ile Pro Tyr Arg Leu Arg Asn Glu Phe Asn Ser Leu Glu Tyr
 210 215 220

Ser Glu Leu Asp Met Ile Asp Phe Leu Ile Ser Gly Gly Ile Asp Tyr
 225 230 235 240

Lys Leu Leu Asn Thr Asn Pro Tyr Trp Phe Ile Asp Lys Tyr Phe Ile
 245 250 255

Asp Thr Ser Lys Asn Phe Glu Lys Tyr Lys Asn Asp Tyr Glu Ile Lys
 260 265 270

Ile Lys Asn Asn Asn Tyr Ile Ala Asn Ser Ile Lys Leu Tyr Leu Glu
 275 280 285

Gln Lys Phe Lys Ile Asn Val Lys Asp Ile Trp Glu Leu Asn Leu Ser
 290 295 300

Tyr Phe Ser Lys Glu Phe Gln Ile Met Met Pro Glu Arg Tyr Asn Asn
 305 310 315 320

Ala Leu Asn His Tyr Tyr Arg Lys Glu Tyr Tyr Val Ile Asp Tyr Phe
 325 330 335

Lys Asn Tyr Asn Ile Asn Gly Phe Lys Asn Gly Gln Ile Lys Thr Lys
 340 345 350

Leu Pro Leu Ser Lys Tyr Asn Lys Glu Ile Ile Asn Lys Pro Glu Leu
 355 360 365

Ile Val Asn Leu Ile Asn Gln Asn Asn Thr Val Leu Met Lys Ser Asn
 370 375 380

Ile Tyr Gly Asp Gly Leu Lys Gly Thr Val Asp Asn Phe Tyr Ser Asn
 385 390 395 400

Tyr Ile Ile Pro Tyr Asn Leu Asn Tyr Glu His Ser Ile Asn Tyr Ser
 405 410 415

0342941-0584_SL (1)

Tyr Leu Asp Asn Val Asn Ile Glu Glu Ile Glu Lys Ile Pro Pro Ile
420 425 430

Asn Asp Glu Asp Ile Tyr Pro Tyr Arg Lys Asn Ala Asp Thr Phe Ile
435 440 445

Pro Val Tyr Asn Ile Thr Lys Ala Lys Glu Ile Asn Thr Thr Thr Pro
450 455 460

Leu Pro Val Asn Tyr Leu Gln Ala Gln Met Ile Asp Ser Asn Asp Ile
465 470 475 480

Asn Leu Ser Ser Asp Phe Leu Lys Val Ile Ser Ser Lys Gly Ser Leu
485 490 495

Val Tyr Ser Phe Leu Asn Asn Thr Met Asp Tyr Leu Glu Phe Ile Lys
500 505 510

Tyr Asp Lys Pro Ile Asp Thr Asp Lys Lys Tyr Tyr Lys Trp Leu Lys
515 520 525

Ala Ile Phe Arg Asn Tyr Ser Leu Asp Ile Thr Glu Thr Gln Glu Ile
530 535 540

Ser Asn Gln Phe Gly Asp Thr Lys Ile Ile Pro Trp Ile Gly Arg Ala
545 550 555 560

Leu Asn Ile Leu Asn Thr Asn Asn Ser Phe Val Glu Glu Phe Lys Asn
565 570 575

Leu Gly Pro Ile Ser Leu Ile Asn Lys Lys Glu Asn Ile Thr Ile Pro
580 585 590

Lys Ile Lys Ile Asp Glu Ile Pro Ser Ser Met Leu Asn Phe Ser Phe
595 600 605

Lys Asp Leu Ser Glu Asn Leu Phe Asn Ile Tyr Cys Lys Asn Asn Phe
610 615 620

0342941-0584_SL (1)

Tyr Leu Lys Lys Ile Tyr Tyr Asn Phe Leu Asp Gln Trp Trp Thr Gln
625 630 635 640

Tyr Tyr Ser Gln Tyr Phe Asp Leu Ile Cys Met Ala Ser Lys Ser Val
645 650 655

Leu Ala Gln Glu Lys Leu Ile Lys Lys Leu Ile Gln Lys Gln Leu Arg
660 665 670

Tyr Leu Met Glu Asn Ser Asn Ile Ser Ser Thr Asn Leu Ile Leu Ile
675 680 685

Asn Leu Thr Thr Thr Asn Thr Leu Arg Asp Ile Ser Asn Gln Ser Gln
690 695 700

Ile Ala Ile Asn Asn Ile Asp Lys Phe Phe Asn Asn Ala Ala Met Cys
705 710 715 720

Val Phe Glu Asn Asn Ile Tyr Pro Lys Phe Thr Ser Phe Met Glu Gln
725 730 735

Cys Ile Lys Asn Ile Asn Lys Ser Thr Lys Glu Phe Ile Leu Lys Cys
740 745 750

Thr Asn Ile Asn Glu Thr Glu Lys Ser His Leu Ile Met Gln Asn Ser
755 760 765

Phe Ser Asn Leu Asp Phe Asp Phe Leu Asp Ile Gln Asn Met Lys Asn
770 775 780

Leu Phe Asn Ser Tyr Thr Glu Leu Leu Ile Lys Glu Gln Thr Ser Pro
785 790 795 800

Tyr Glu Leu Ser Leu Tyr Ala Phe Gln Glu Gln Asp Asn Asn Val Ile
805 810 815

Gly Asp Thr Ser Gly Lys Asn Thr Leu Val Glu Tyr Pro Lys Asp Ile
820 825 830

0342941-0584_SL (1)

Gly Leu Val Tyr Gly Ile Asn Asn Asn Ala Ile His Leu Thr Gly Ala
835 840 845

Asn Gln Asn Ile Lys Phe Thr Asn Asp Tyr Phe Glu Asn Gly Leu Thr
850 855 860

Asn Asn Phe Ser Ile Tyr Phe Trp Leu Arg Asn Leu Lys Gln Asn Thr
865 870 875 880

Ile Lys Ser Lys Leu Ile Gly Ser Lys Glu Asp Asn Cys Gly Trp Glu
885 890 895

Ile Tyr Phe Glu Asn Asp Gly Leu Val Phe Asn Ile Ile Asp Ser Asn
900 905 910

Gly Asn Glu Lys Asn Ile Tyr Leu Ser Asn Ile Ser Asn Asn Ser Trp
915 920 925

His Tyr Ile Val Ile Ser Ile Asn Arg Leu Lys Asp Gln Leu Leu Ile
930 935 940

Phe Ile Asp Asn Ile Leu Val Ala Asn Glu Asp Ile Lys Glu Ile Leu
945 950 955 960

Asn Ile Tyr Ser Ser Asp Ile Ile Ser Leu Leu Ser Asp Asn Asn Asn
965 970 975

Val Tyr Ile Glu Gly Leu Ser Val Leu Asn Lys Thr Ile Asn Ser Asn
980 985 990

Glu Ile Leu Thr Asp Tyr Phe Ser Asp Leu Asn Asn Ser Tyr Ile Arg
995 1000 1005

Asn Phe Asp Glu Glu Ile Leu Gln Tyr Asn Arg Thr Tyr Glu Leu
1010 1015 1020

Phe Asn Tyr Val Phe Pro Glu Ile Ala Ile Asn Lys Ile Glu Gln
1025 1030 1035

0342941-0584_SL (1)

Asn Asn Asn Ile Tyr Leu Ser Ile Asn Asn Glu Asn Asn Leu Asn
1040 1045 1050

Phe Lys Pro Leu Lys Phe Lys Leu Leu Asn Thr Asn Pro Asn Lys
1055 1060 1065

Gln Tyr Val Gln Lys Trp Asp Glu Val Ile Phe Ser Val Leu Asp
1070 1075 1080

Gly Thr Glu Lys Tyr Leu Asp Ile Ser Thr Thr Asn Asn Arg Ile
1085 1090 1095

Gln Leu Val Asp Asn Lys Asn Asn Ala Gln Ile Phe Ile Ile Asn
1100 1105 1110

Asn Asp Ile Phe Ile Ser Asn Cys Leu Thr Leu Thr Tyr Asn Asn
1115 1120 1125

Val Asn Val Tyr Leu Ser Ile Lys Asn Gln Asp Tyr Asn Trp Val
1130 1135 1140

Ile Cys Asp Leu Asn His Asp Ile Pro Lys Lys Ser Tyr Leu Trp
1145 1150 1155

Ile Leu Lys Asn Ile
1160