

M R I R R R A L V F A T M S A V L C T A G F M P S A G E A A	1	30
	2	
	3	
A D N G A G E E T K S Y A E T Y R L T A D D V A N I N A L N	1	60
A G S S D G E K K G S Y A A T H G L T A D D V D N I N A L N	2	
A S S G D G E E K G S Y A E T H G L T A D D V E N I N A L N	3	
E S A P A A S		
S A G P S F R A P D S	1	90
E E A L A V G Q P G K P P T G F P P S A G P S L R A P A F D	2	
E R A L T L G Q P G K P P T E L P P S A T A P S R A P S	3	
D D R V T P P A E P L D R M P D P Y R P S Y G R A E T V V N	1	120
D D R V T P P A E P L D R M P D A Y R A Y G G R A T T V I N	2	
D D R E T P P A E P L D R M P E A Y R A Y G G R A T T V V N	3	
N Y I R K W Q Q V Y S H R D G R K Q Q M T E E Q R E W L S Y	1	150
N Y I R K W Q Q V Y S H R D G K I R Q M T E E Q R E K L S Y	2	
N Y I R K W Q Q V Y S H R D G K K Q Q M T E E Q R E K L S Y	3	
G C V G V T W V N S G Q Y P T N R L A F A S F D E D R F K N	1	180
G C V G V T W A N S G P Y P T N R L A F A S F D E D K Y R N	2	
G C V G V T W V N S G P Y P T N R L A F G P F D E N K Y K N	3	
E L K N G R P R S G E T R A E F E G R V A K E S F D E E K G	1	210
N L K N S S P G L G E T R A E F E G R I A K A S F D E R A G	2	
D L K N T S P R P D E T R A E F E G R I K G S F D E G K G	3	
F Q R A R E V A S V M N R A L E N A H D E S A Y L D N L K K	1	240
F K R A R D V A A I M N R A L E N A H D E G T Y I D H L K T	2	
F K R A R D V A S V M N R A R E N A H D E G T Y I N N L K T	3	
E L A N G N D A L R N E D A R S P F Y S A L R N T P S F K E	1	270
E L T N N N D A L L Q E D T S S N F Y S A L R D T P S F K E	2	
E L T N N N A L R R E D S R S N F Y S A L R N T P S F K E	3	
R N G G N H D P S R M K A V I Y S K H F W S G Q D R S S S A	1	300
R D G G N Y D P S K M K A V I Y S K H F W S G Q D R R G S D	2	
R D G G N Y D P S K M K A V I Y S K H F W S G Q D Q R G S S	3	
D K R K Y G D P D A F R P A P G T G L V D M S R D R N I P R	1	330
D K R K Y G D P E A F R P D Q R T G L V D M S K D R N I P R	2	
D K R K Y G D P E A F R P V P G T G L V D M S K D R S I P R	3	

```

S P T S P G E G F V N F D Y G W F G A Q T E A D A D K T V W 1 360
S P A R S G E S W V N F D Y G W F G A Q T E A D P G Q T I W 2
S P A K P G E G T V N F D Y G W F G A Q T E A D R D K T T W 3

T H G N H Y H A P N G S L G A M H V Y E S K F R N W S E G Y 1 390
T H G D H Y H A P N G S L G P M H V Y E S K F Q N W S A G Y 2
T H G D H Y H A P N S D L G P M H V H E S K F R K W S A G Y 3

S D F D R G A Y V I T F I P K S W N T A P D K V K Q G W P 1 419
E D F D R G T Y V I T F I P K S L N T A P A K V 2
A D F G A Y V I T F I P K S W N T A P A K V E Q G W P 3

```

Primärstrukturen bakterieller Transglutaminasen

Linien 1-3, *Streptomyces mobaraensis* (Signalpeptid (grün), Arbeitskreis Fuchsbauer, unveröffentlicht; ProTGase-Sequenz, Pasternack *et al.* [1998]), *Streptomyces fervens* subsp. *melrosporus* (Pasternack *et al.* [2000], unveröffentlicht) und *Streptomyces cinnamoneus* CBS 838.68 (Duran *et al.* [1998], mit korrigierter Aminosäuresequenz im Propeptid). Mutmaßliche Aminosäuren des Aktivzentrums des reifen Enzyms Cys64, Asp255 und His274 sind rot markiert (Kanaji *et al.* [1993] und Kashiwagi *et al.* [2002]).