

eolf-seq1.txt
SEQUENCE LISTING

<110> Technische Universität Dresden

<120> Ganzzeellsensor

<130> 17P0094DE

<160> 14

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 1

tattatgagc tcgagatacg ttctccagcg tatgtatttc at 42

<210> 2

<211> 49

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 2

tattatacta gttctcgtct ttgttgatgt tttatatcac aagatgtag 49

<210> 3

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 3

tattatcccg gggagattcc aaactggttc attgaaatag gc 42

<210> 4

<211> 41

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 4

tattatggat cccttatttt atcctgcctg gggtgagtga t 41

<210> 5

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Primer

<400> 5

tattatgagc tcggtgctgt gaccgtttcc aatacg 36

eo1f-seq1.txt

<210> 6
 <211> 44
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 6
 tattatacta gttggtattt ctgatgatgt tcttgctctc ttg 44

<210> 7
 <211> 43
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 7
 tattatcccg ggactgcaac tattcttaca atctttcatt tac 43

<210> 8
 <211> 45
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 8
 tattatggat cctttttacc taattactat gttttgaaac gttag 45

<210> 9
 <211> 36
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 9
 tattatgagc tctgttcacg ccctctacga accatg 36

<210> 10
 <211> 46
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

<400> 10
 tattatacta gttagcgagg attgctgaaa tcttgatat tttcag 46

<210> 11
 <211> 26
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Primer

eof-seq1.txt

```

<400> 11
cccggggcca cggtctaaac taacta 26

<210> 12
<211> 31
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Primer

<400> 12
atggatcctt ttttcttgta cttgtcttct c 31

<210> 13
<211> 537
<212> DNA
<213> Saccharomyces cerevisiae

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(537)

<400> 13
gca tcc aac ttg aac att tcg aga aag ctt acc ata tca acc cca tca 48
Ala Ser Asn Leu Asn Ile Ser Arg Lys Leu Thr Ile Ser Thr Pro Ser
1 5 10 15

tgc tct ttc gaa aat tca aat agc aca tcc att cct tcg ccc gct tcc 96
Cys Ser Phe Glu Asn Ser Asn Ser Thr Ser Ile Pro Ser Pro Ala Ser
20 25 30

tca tct caa agc cac act cca atg aga aac atg agc tca ctc tct gat 144
Ser Ser Gln Ser His Thr Pro Met Arg Asn Met Ser Ser Leu Ser Asp
35 40 45

aac agc gtt ttc agc cgg aat atg gaa caa tca tca cca atc act cca 192
Asn Ser Val Phe Ser Arg Asn Met Glu Gln Ser Ser Pro Ile Thr Pro
50 55 60

agt atg tac caa ttt ggt cag cag cag tca aac agt ata tgt ggt agc 240
Ser Met Tyr Gln Phe Gly Gln Gln Gln Ser Asn Ser Ile Cys Gly Ser
65 70 75 80

acc gtt agt gtg aat agt ctg gtg aat aca aat aac aaa caa agg atc 288
Thr Val Ser Val Asn Ser Leu Val Asn Thr Asn Asn Lys Gln Arg Ile
85 90 95

tac gaa caa atc acg ggt cct aac agc aat aac gca acc aat gat tat 336
Tyr Glu Gln Ile Thr Gly Pro Asn Ser Asn Asn Ala Thr Asn Asp Tyr
100 105 110

att gat ttg cta aac cta aat gag tct aac aag gaa aac caa aat ccc 384
Ile Asp Leu Leu Asn Leu Asn Glu Ser Asn Lys Glu Asn Gln Asn Pro
115 120 125

gca acg gcg cat tac ctc aat ggg ggc cca ccc aag aca agc ttc att 432
Ala Thr Ala His Tyr Leu Asn Gly Gly Pro Pro Lys Thr Ser Phe Ile
130 135 140

aac cat gga atg ttc ccc tcg cca act ggg acc ata aat agc ggt aaa 480
Asn His Gly Met Phe Pro Ser Pro Thr Gly Thr Ile Asn Ser Gly Lys
145 150 155 160

tct agc agt gcc tca tct tta att tct ttt ggt atg ggc aat acc caa 528
Ser Ser Ser Ala Ser Ser Leu Ile Ser Phe Gly Met Gly Asn Thr Gln

```

eo1f-seq1.txt
170

165

175

gta ata tag
val ile

537

<210> 14
<211> 178
<212> PRT
<213> Saccharomyces cerevisiae
<400> 14

Ala Ser Asn Leu Asn Ile Ser Arg Lys Leu Thr Ile Ser Thr Pro Ser
1 5 10 15

Cys Ser Phe Glu Asn Ser Asn Ser Thr Ser Ile Pro Ser Pro Ala Ser
20 25 30

Ser Ser Gln Ser His Thr Pro Met Arg Asn Met Ser Ser Leu Ser Asp
35 40 45

Asn Ser Val Phe Ser Arg Asn Met Glu Gln Ser Ser Pro Ile Thr Pro
50 55 60

Ser Met Tyr Gln Phe Gly Gln Gln Gln Ser Asn Ser Ile Cys Gly Ser
65 70 75 80

Thr Val Ser Val Asn Ser Leu Val Asn Thr Asn Asn Lys Gln Arg Ile
85 90 95

Tyr Glu Gln Ile Thr Gly Pro Asn Ser Asn Asn Ala Thr Asn Asp Tyr
100 105 110

Ile Asp Leu Leu Asn Leu Asn Glu Ser Asn Lys Glu Asn Gln Asn Pro
115 120 125

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

Asn His Gly Met Phe Pro Ser Pro Thr Gly Thr Ile Asn Ser Gly Lys
145 150 155 160

Ser Ser Ser Ala Ser Ser Leu Ile Ser Phe Gly Met Gly Asn Thr Gln
165 170 175

val ile