

Opravný list – ERRATA

Téma bakalářské práce: Aktivita bakteriálních enzymů a molekulární mechanismy při dekompozici kostní tkáně

Oprava seznam zkratk:

Špatně: Tyr36 Tyrosin na pozici 36 v sekvenci proteinu

Správně: Tyr36 tyrosin na pozici 36 v sekvenci proteinu

Oprava str. 5:

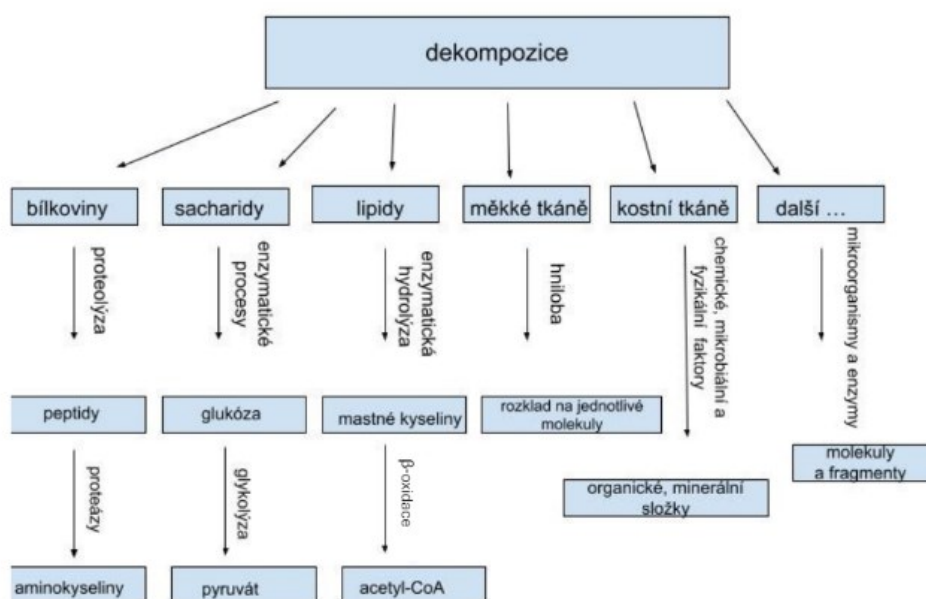
Špatně: Klíčové procesy pro rozklad těla jsou autolýza a hniloba (viz obr.1).

Správně: Klíčové procesy pro rozklad těla jsou autolýza a hniloba (viz obr.č.1).

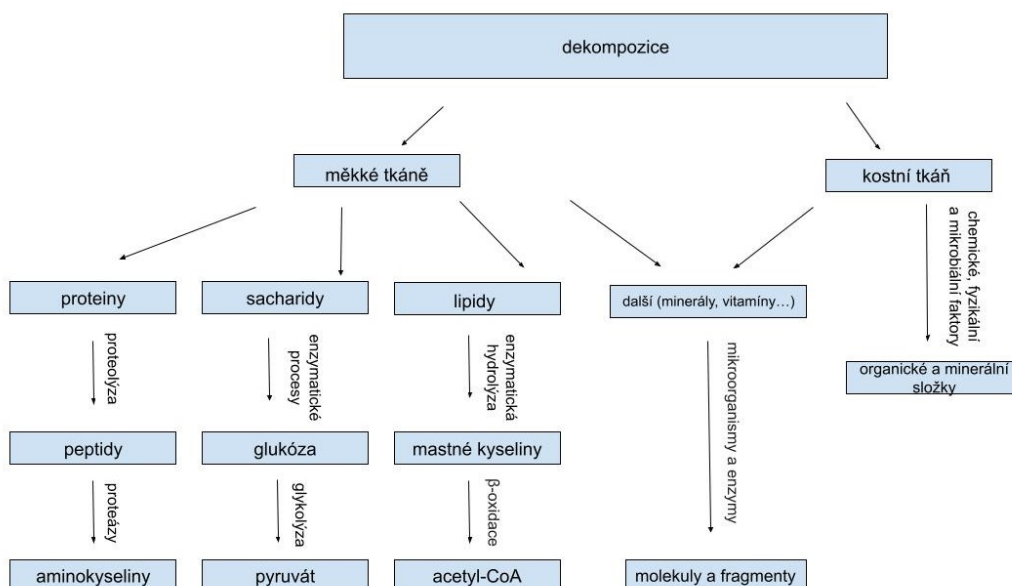
Špatně: Dekompozice neboli rozklad, je biologický proces, který nastane po smrti.

Správně: Dekompozice neboli rozklad, je biologický proces, který nastane po smrti (Goff, 2009).

Špatně: Obr.1 – vlastní schématické znázornění dekompozičních procesů



Správně: Obr. č. 1 – vlastní schématické znázornění dekompozičních procesů



Oprava str. 6:

Špatně: Část proteinová částí, obsahující především kolagen, minerální částice z hydroxyapatitu, a nakonec jiné organické sloučeniny (viz. tab. č. 1).

Správně: Část proteinová a části obsahující především kolagen, minerální částice z hydroxyapatitu, a nakonec jiné organické sloučeniny (viz. tab. č. 1).

Oprava str. 9:

Špatně: Předpokládá se, že kolagenáza u bakterií rodu *Clostridium sp.* má dva možné stavy umožňující hydrolýzu kolagenu. Kolagen vázící doména a katalytická doména v kolagenázovém modulu zůstávají během hydrolýzy kolagenu většinou uzavřené, ale uvolňují se do otevřeného základního stavu, jakmile je kolagen rozštěpen (Kato et al., 1992).

Správně: Předpokládá se, že kolagenáza u bakterií rodu *Clostridium sp.* má dva možné stavy umožňující hydrolýzu kolagenu. Kolagen vázící doména a katalytická doména v kolagenázovém modulu zůstávají během hydrolýzy kolagenu většinou uzavřené, ale uvolňují se do otevřeného základního stavu, jakmile je kolagen rozštěpen (Kato et al., 1992).

Oprava str. 11:

Špatně: Poté se jedná o bakterie z prostředí, ve které se ostatky nachází (Zhang et al., 2015).

Správně: Poté se jedná o bakterie z prostředí, ve kterém se ostatky nachází (Zhang et al., 2015).

Oprava str. 13:

Špatně: Struktura a mechanismus působení těchto enzymů jsou nejpodrobněji popsány u kolagenáz z několika modelových druhů bakterií – *Clostridium sp.*, *Streptomyces sp.* a *Vibrio cholerae*.

Správně: Struktura a mechanismus působení těchto enzymů jsou nejpodrobněji popsány u kolagenáz z několika modelových druhů bakterií – *Clostridium sp.*, *Streptomyces sp.* a *Vibrio cholerae*.

Oprava str. 14:

Špatně: U živočišných živočišných kolagenáz je degradace nativního kolagenu (nebo ve vodě nerozpustného nativního kolagenu) zásadně závislá na typu kolagenu a na jeho původu (Harrington, 1996).

Správně: U živočišných kolagenáz je degradace nativního kolagenu (nebo ve vodě nerozpustného nativního kolagenu) zásadně závislá na typu kolagenu a na jeho původu (Harrington, 1996).

Oprava str. 17:

Špatně: Proteázy z rodiny S53, respektive sedolisinů, obvykle vykazují maximální aktivitu při nízkém pH a vysoké teplotě a obsahují jedinečnou katalytickou triádu, motiv Ser-Glu-Asp, odlišný od proteáz podobných subtilisinu (Asp-His-Ser) (Zhang et al., 2015).

Správně: Proteázy z rodiny S53, respektive sedolisinů, obvykle vykazují maximální aktivitu při nízkém pH a vysoké teplotě a obsahují jedinečnou katalytickou triádu, motiv Ser-Glu-Asp, odlišný od proteáz podobných subtilisinu (Asp-His-Ser) (Zhang et al., 2015).

Oprava str. 18:

Špatně: Rentgenové krystalové struktury jsou k dispozici i pro několik Bakteriální α – karboanhydrázy vykazují kompaktnější strukturu než savčí a mají oproti nim větší aktivní místo. Rentgenové krystalové struktury jsou k dispozici i pro několik β – karboanhydráz např. z *Escherichia coli*, *Haemophilus influenzae*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Salmonella enterica* a *Vibrio cholerae* (Cronk et al., 2001).

Správně: Bakteriální α – karboanhydrázy vykazují kompaktnější strukturu než savčí a mají oproti nim větší aktivní místo. Rentgenové krystalové struktury jsou k dispozici i pro několik β – karboanhydráz např. z *Escherichia coli*, *Haemophilus influenzae*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Salmonella enterica* a *Vibrio cholerae* (Cronk et al., 2001).

Oprava str. 19:

Špatně: Fernandez-Lopez et al. (2021) podrobně zmapoval tento systém v mořském prostředí.

Správně: Fernandez-Lopez et al., (2021) podrobně zmapoval tento systém v mořském prostředí.

Špatně: Planctomycetota štěpí α -galaktózu a α -mannózu, *Campylobacterota* (*Sulfurimonadaceae* a *Sulfurovaceae*), β -N – acetyl – hexosamin a částečně i β – glukózu, *Spirochaetota* (z nich především *Spirochaetaceae*) a konečně *Verrucomicrobiota* (např. *Victivallaceae*) α – mannózu (Fernandez-Lopez et al., 2021).

Správně: *Planctomycetota* štěpí α -galaktózu a α -mannózu, *Campylobacterota* (*Sulfurimonadaceae* a *Sulfurovaceae*), β -N – acetyl – hexosamin a částečně i β – glukózu, *Spirochaetota* (z nich především *Spirochaetaceae*) a konečně *Verrucomicrobiota* (např. *Victivallaceae*) α – mannózu (Fernandez-Lopez et al., 2021).

Oprava str. 20:

Špatně: Některé bakterie z řádu *Campylobacterales* jsou vybaveny kompletními enzymovými systémy Sox (soxXYZABCD) a Sor, které jsou odpovědné za oxidaci síry.

Správně: Některé bakterie z řádu *Campylobacterales* jsou vybaveny kompletními enzymovými systémy Sox (soxXYZABCD) a Sor, které jsou odpovědné za oxidaci síry.

Špatně: V případě Gammaproteobakterií, především přidružených k *Beggiatoaceae* a dalším nezařazeným skupinám, existuje potenciál pro thiotrofii.

Správně: V případě *Gammaproteobakterií*, především přidružených k *Beggiatoaceae* a dalším nezařazeným skupinám, existuje potenciál pro thiotrofii.

Oprava citační záznam – seznam použité literatury:

- *Amendt, J., Goff, M. L., Campobasso, C. P., & Grassberger, M. (Eds.). (2010). *Current concepts in forensic entomology*. Springer Netherlands. <https://doi.org/10.1007/978-1-4020-9684-6>
- *Azam, F., & Malfatti, F. (2007). Microbial structuring of marine ecosystems. *Nature Reviews Microbiology*, 5(10), 782–791. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1747>
- Benbow, M. E., Pechal, J. L., Lang, J. M., Erb, R., & Wallace, J. R. (2015). The potential of high-throughput metagenomic sequencing of aquatic bacterial communities to estimate the postmortem submersion interval. *Journal of Forensic Sciences*, 60(6), 1500–1510. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.12859>
- Benninger, L. A., Carter, D. O., & Forbes, S. L. (2008). The biochemical alteration of soil beneath a decomposing carcass. *Forensic Science International*, 180(2-3), 70–75. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2008.07.001>
- Borchert, E., García-Moyano, A., Sanchez-Carrillo, S., Dahlgren, T. G., Slaby, B. M., Bjerga, G. E. K., Ferrer, M., Franzenburg, S., & Hentschel, U. (2021). Deciphering a marine bone-degrading microbiome reveals a complex community effort. *MSystems*, 6(1). <https://doi.org/10.1128/msystems.01218-20>
- *Clarke, B. (2008). Normal bone anatomy and physiology. *Clinical Journal of the American Society of Nephrology*, 3(Supplement 3), S131– S139. <https://doi.org/10.2215/cjn.04151206>
- Covarrubias, A. S., Bergfors, T., Jones, T. A., & Högbom, M. (2005). Structural Mechanics of the pH-dependent Activity of β -Carbonic Anhydrase from *Mycobacterium tuberculosis*. *Journal of Biological Chemistry*, 281(8), 4993–4999. <https://doi.org/10.1074/jbc.m510756200>
- Cronk, J. D., Endrizzi, J. A., Cronk, M. R., O'Neill, J. W., & Zhang, K. Y. J. (2001). Crystal structure of *E. coli* β -carbonic anhydrase, an enzyme with an unusual pH-dependent activity. *Protein Science*, 10(5), 911–922. <https://doi.org/10.1110/ps.46301>
- Del Prete, S., Vullo, D., De Luca, V., Carginale, V., Ferraroni, M., Osman, S. M., AlOthman, Z., Supuran, C. T., & Capasso, C. (2016). Sulfonamide inhibition studies of the β -carbonic anhydrase from the pathogenic bacterium *Vibrio cholerae*. *Bioorganic & Medicinal Chemistry*, 24(5), 1115–1120. <https://doi.org/10.1016/j.bmc.2016.01.037>
- *Downey, P. A., & Siegel, M. I. (2006). Bone biology and the clinical implications for osteoporosis. *Physical Therapy*, 86(1), 77–91. <https://doi.org/10.1093/ptj/86.1.77>
- Eckhard, U., Schönauer, E., & Brandstetter, H. (2013). Structural basis for activity regulation and substrate preference of clostridial collagenases G, H, and T. *Journal of Biological Chemistry*, 288(28), 20184–20194. <https://doi.org/10.1074/jbc.m112.448548>
- Emmons, A. L., Mundorff, A. Z., Hoeland, K. M., Davoren, J., Keenan, S. W., Carter, D. O., Campagna, S. R., & DeBruyn, J. M. (2022). Postmortem skeletal microbial community composition and function in buried human remains. *MSystems*. <https://doi.org/10.1128/msystems.00041-22>
- Emmons, A. L., Mundorff, A. Z., Keenan, S. W., Davoren, J., Andronowski, J., Carter, D. O., & DeBruyn, J. M. (2020). Characterizing the postmortem human bone microbiome from surface-decomposed remains. *Plos One*, 15(7), Article e0218636. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0218636>
- Eriksen, A. M. H., Nielsen, T. K., Matthiesen, H., Carøe, C., Hansen, L. H., Gregory, D. J., Turner-Walker, G., Collins, M. J., & Gilbert, M. T. P. (2020). Bone biodeterioration—The effect of marine and terrestrial depositional environments on early diagenesis and bone bacterial community. *Plos One*, 15(10), Article e0240512. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0240512>
- Falgayrac, G., Vitale, R., Delannoy, Y., Behal, H., Penel, G., Olejnik, C., Duponchel, L., & Colard, T. (2022). Bone molecular modifications induced by diagenesis followed-up for 12 months. *Biology*, 11(10), 1542. <https://doi.org/10.3390/biology11101542>
- Ferraroni, M., Del Prete, S., Vullo, D., Capasso, C., & Supuran, C. T. (2015). Crystal structure and kinetic studies of a tetrameric type II β -carbonic anhydrase from the pathogenic bacterium *Vibrio cholerae*. *Acta Crystallographica Section D Biological Crystallography*, 71(12), 2449–2456. <https://doi.org/10.1107/s1399004715018635>
- *Fiedler, S., & Graw, M. (2003). Decomposition of buried corpses, with special reference to the formation of adipocere. *Naturwissenschaften*, 90(7), 291–300. <https://doi.org/10.1007/s00114-003-0437-0>

- *Florencio-Silva, R., Sasso, G. R. d. S., Sasso-Cerri, E., Simões, M. J., & Cerri, P. S. (2015). Biology of bone tissue: Structure, function, and factors that influence bone cells. *BioMed Research International*, 2015, 1–17. <https://doi.org/10.1155/2015/421746>
- Lee Goff, M. (2009). Early post-mortem changes and stages of decomposition in exposed cadavers. *Experimental and Applied Acarology*, 49(1-2), 21–36. <https://doi.org/10.1007/s10493-009-9284-9>
- Graw, M., Weisser, H. J., & Lutz, S. (2000). DNA typing of human remains found in damp environments. *Forensic Science International*, 113(1-3), 91–95. [https://doi.org/10.1016/s0379-0738\(00\)00221-8](https://doi.org/10.1016/s0379-0738(00)00221-8)
- *Gupta, R., & Ramnani, P. (2006). Microbial keratinases and their prospective applications: An overview. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 70(1), 21–33. <https://doi.org/10.1007/s00253-005-0239-8>
- *Haglund, W. D., & Sorg, M. H. (1997). *Forensic taphonomy: The postmortem fate of human remains*. CRC Press.
- *Harrington, D. J. (1996). Bacterial collagenases and collagen-degrading enzymes and their potential role in human disease. *Infection and Immunity*, 64(6), 1885–1891. <https://doi.org/10.1128/iai.64.6.1885-1891.1996>
- Hiorns, W. D., Methé, B. A., Nierzwicki-Bauer, S. A., & Zehr, J. P. (1997). Bacterial diversity in adirondack mountain lakes as revealed by 16S rna gene sequences. *Applied and Environmental Microbiology*, 63(7), 2957–2960. <https://doi.org/10.1128/aem.63.7.2957-2960.1997>
- Child, A. M. (1995). Towards and understanding of the microbial decomposition of archaeological bone in the burial environment. *Journal of Archaeological Science*, 22(2), 165–174. <https://doi.org/10.1006/jasc.1995.0018>
- James, P., Isupov, M. N., Sayer, C., Sancei, V., Berg, S., Lioliou, M., Kotlar, H. K., & Littlechild, J. A. (2014). The structure of a tetrameric α -carbonic anhydrase from *Thermovibrio ammonificans* reveals a core formed around intermolecular disulfides that contribute to its thermostability. *Acta Crystallographica Section D Biological Crystallography*, 70(10), 2607–2618. <https://doi.org/10.1107/s1399004714016526>
- Jans, M. M. E., Nielsen-Marsh, C. M., Smith, C. I., Collins, M. J., & Kars, H. (2004). Characterisation of microbial attack on archaeological bone. *Journal of Archaeological Science*, 31(1), 87–95. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2003.07.007>
- Jiang, Y. M., Li, X. H., Feng, B., & Weng, J. (2005). The effect of different surface modification agents on the dispersion of nano-hydroxyapatite (n-ha) crystallites. *Key Engineering Materials*, 284-286, 55–58. <https://doi.org/10.4028/www.scientific.net/kem.284-286.55>
- Kaszubinski, S. F., Receveur, J. P., Nestle, E. D., Pechal, J. L., & Benbow, M. E. (2022). Microbial community succession of submerged bones in an aquatic habitat. *Journal of Forensic Sciences*. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.15036>
- Kato, T., Takahashi, N., & Kuramitsu, H. K. (1992). Sequence analysis and characterization of the porphyromonas gingivalis prtC gene, which expresses a novel collagenase activity. *Journal of Bacteriology*, 174(12), 3889–3895. <https://doi.org/10.1128/jb.174.12.3889-3895.1992>
- *Kenkre, J., & Bassett, J. (2018). The bone remodelling cycle. *Annals of Clinical Biochemistry: International Journal of Laboratory Medicine*, 55(3), 308–327. <https://doi.org/10.1177/0004563218759371>
- Khoshnoodi, J., Pedchenko, V., & Hudson, B. G. (2008). Mammalian collagen IV. *Microscopy Research and Technique*, 71(5), 357–370. <https://doi.org/10.1002/jemt.20564>
- *Krane, S. M. (1982). Collagenases and collagen degradation. *Journal of Investigative Dermatology*, 79(1), 83–86. <https://doi.org/10.1038/jid.1982.16>
- *Langdahl, B., Ferrari, S., & Dempster, D. W. (2016). Bone modeling and remodeling: Potential as therapeutic targets for the treatment of osteoporosis. *Therapeutic Advances in Musculoskeletal Disease*, 8(6), 225–235. <https://doi.org/10.1177/1759720x16670154>
- Li, M., Wang, B., Zhang, M., Rantalainen, M., Wang, S., Zhou, H., Zhang, Y., Shen, J., Pang, X., Zhang, M., Wei, H., Chen, Y., Lu, H., Zuo, J., Su, M., Qiu, Y., Jia, W., Xiao, C., Smith, L. M., . . . Zhao, L. (2008). Symbiotic gut microbes modulate human metabolic phenotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(6), 2117–2122. <https://doi.org/10.1073/pnas.0712038105>
- Loy, C., Brock, F., & Dyer, C. (2023). Investigating diagenesis of archaeological bones from Etton Causewayed enclosure, UK. *Quaternary International*. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2022.12.012>
- MacLennan, J. D., Mandl, I., & Howes, E. L. (1953). Bacterial digestion of collagen 1. *Journal of Clinical Investigation*, 32(12), 1317–1322. <https://doi.org/10.1172/jci102860>
- Notter, S. J., Stuart, B. H., Rowe, R., & Langlois, N. (2009). The initial changes of fat deposits during the decomposition of human and pig remains. *Journal of Forensic Sciences*, 54(1), 195–201. <https://doi.org/10.1111/j.1556-4029.2008.00911.x>
- Ohbayashi, N., Yamagata, N., Goto, M., Watanabe, K., Yamagata, Y., & Murayama, K. (2012). Enhancement of the structural stability of full-length clostridial collagenase by calcium ions. *Applied and Environmental Microbiology*, 78(16), 5839–5844. <https://doi.org/10.1128/aem.00808-12>

- *Olszta, M. J., Cheng, X., Jee, S. S., Kumar, R., Kim, Y.-Y., Kaufman, M. J., Douglas, E. P., & Gower, L. B. (2007). Bone structure and formation: A new perspective. *Materials Science and Engineering: R: Reports*, 58(3-5), 77–116. <https://doi.org/10.1016/j.mser.2007.05.001>
- Procopio, N., Mein, C. A., Starace, S., Bonicelli, A., & Williams, A. (2021). Bone diagenesis in short timescales: Insights from an exploratory proteomic analysis. *Biology*, 10(6), 460. <https://doi.org/10.3390/biology10060460>
- Ran, L.-Y., Su, H.-N., Zhou, M.-Y., Wang, L., Chen, X.-L., Xie, B.-B., Song, X.-Y., Shi, M., Qin, Q.-L., Pang, X., Zhou, B.-C., Zhang, Y.-Z., & Zhang, X.-Y. (2014). Characterization of a novel subtilisin-like protease myroicolsin from deep sea bacterium *Myroides profundus* and molecular insight into its collagenolytic mechanism. *Journal of Biological Chemistry*, 289(9), 6041–6053. <https://doi.org/10.1074/jbc.m113.513861>
- *Ricard-Blum, S. (2011). The collagen family. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 3(1), a004978. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a004978>
- Rogers, L. D., & Overall, C. M. (2013). Proteolytic post-translational modification of proteins: Proteomic tools and methodology. *Molecular & Cellular Proteomics*, 12(12), 3532–3542. <https://doi.org/10.1074/mcp.m113.031310>
- Sato, S., Rahemtulla, F., Prince, C. W., Tomana, M., & Butler, W. T. (1985). Acidic glycoproteins from bovine compact bone. *Connective Tissue Research*, 14(1), 51–64. <https://doi.org/10.3109/03008208509089843>
- *Shedge, R., Krishan, K., Warriar, V., & Kanchan, T. (2023). Postmortem changes. StatPearls Publishing LLC.
- *Shenoy, M., Abdul, N. S., Qamar, Z., Bahri, B. M. A., Al Ghalayini, K. Z. K., & Kakti, A. (2022). Collagen structure, synthesis, and its applications: A systematic review. *Cureus*. <https://doi.org/10.7759/cureus.24856>
- Siles, J. A., Öhlinger, B., Cajthaml, T., Kistler, E., & Margesin, R. (2018). Characterization of soil bacterial, archaeal and fungal communities inhabiting archaeological human-impacted layers at Monte Iato settlement (Sicily, Italy). *Scientific Reports*, 8(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-20347-8>
- Simonsen, J. (1977). Early formation of adipocere in temperate climate. *Medicine, Science and the Law*, 17(1), 53–55. <https://doi.org/10.1177/002580247701700107>
- *Sorusanova, A., Delgado, L. M., Wu, Z., Shologu, N., Kshirsagar, A., Raghunath, R., Mullen, A. M., Bayon, Y., Pandit, A., Raghunath, M., & Zeugolis, D. I. (2019). The collagen suprafamily: From biosynthesis to advanced biomaterial development. *Advanced Materials*, 31(1), 1801651. <https://doi.org/10.1002/adma.201801651>
- *Steffen, W., Richardson, K., Rockstrom, J., Cornell, S. E., Fetzer, I., Bennett, E. M., Biggs, R., Carpenter, S. R., de Vries, W., de Wit, C. A., Folke, C., Gerten, D., Heinke, J., Mace, G. M., Persson, L. M., Ramanathan, V., Reyers, B., & Sorlin, S. (2015). Planetary boundaries: Guiding human development on a changing planet. *Science*, 347(6223), 1259855. <https://doi.org/10.1126/science.1259855>
- *Supuran, C., & Capasso, C. (2017). An overview of the bacterial carbonic anhydrases. *Metabolites*, 7(4), 56. <https://doi.org/10.3390/metabo7040056>
- Turner-Walker, G. (2007, September). Degradation pathways and conservation strategies for ancient bone from wet anoxic sites. In The 10th Triennial Meeting of the ICOM-CC Working Group for Wet Organic Archaeological Materials-10-15th September.
- Uesugi, Y., Arima, J., Usuki, H., Iwabuchi, M., & Hatanaka, T. (2008). Two bacterial collagenolytic serine proteases have different topological specificities. *Biochimica Et Biophysica Acta (BBA) - Proteins and Proteomics*, 1784(4), 716–726. <https://doi.org/10.1016/j.bbapap.2008.01.017>
- Vass AA (2001). Beyond the grave — understanding human decomposition. *Microbiology Today* 28:190–192.
- Wang, Y.-K., Zhao, G.-Y., Li, Y., Chen, X.-L., Xie, B.-B., Su, H.-N., Lv, Y.-H., He, H.-L., Liu, H., Hu, J., Zhou, B.-C., & Zhang, Y.-Z. (2010). Mechanistic insight into the function of the c-terminal PKD domain of the collagenolytic serine protease deseasin MCP-01 from deep seapseudoalteromonas sp. SM9913. *Journal of Biological Chemistry*, 285(19), 14285–14291. <https://doi.org/10.1074/jbc.m109.087023>
- *Wilkins, D., Yau, S., Williams, T. J., Allen, M. A., Brown, M. V., DeMaere, M. Z., Lauro, F. M., & Cavicchioli, R. (2013). Key microbial drivers in Antarctic aquatic environments. *FEMS Microbiology Reviews*, 37(3), 303–335. <https://doi.org/10.1111/1574-6976.12007>
- Wittig, N. K., & Birkedal, H. (2022). Bone hierarchical structure: Spatial variation across length scales. *Acta Crystallographica Section B Structural Science, Crystal Engineering and Materials*, 78(3). <https://doi.org/10.1107/s2052520622001524>
- *Wu, S., Zhou, X., Jin, Z., & Cheng, H. (2023). Collagenases and their inhibitors: A review. *Collagen and Leather*, 5(1). <https://doi.org/10.1186/s42825-023-00126-6>
- Yoshino, M., Kimijima, T., Miyasaka, S., Sato, H., & Seta, S. (1991). Microscopical study on estimation of time since death in skeletal remains. *Forensic Science International*, 49(2), 143–158. [https://doi.org/10.1016/0379-0738\(91\)90074-s](https://doi.org/10.1016/0379-0738(91)90074-s)
- Zhang, Y.-Z., Ran, L.-Y., Li, C.-Y., & Chen, X.-L. (2015). Diversity, structures, and collagen-degrading mechanisms of bacterial collagenolytic proteases. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(18), 6098–6107. <https://doi.org/10.1128/aem.00883-15>

Zhao, G.-Y., Chen, X.-L., Zhao, H.-L., Xie, B.-B., Zhou, B.-C., & Zhang, Y.-Z. (2008). Hydrolysis of insoluble collagen by deseasin MCP-01 from deep-seapseudoalteromonasp. SM9913. *Journal of Biological Chemistry*, 283(52), 36100–36107. <https://doi.org/10.1074/jbc.m804438200>