

ФЕДЕРАЛЬНАЯ СЛУЖБА
ПО ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОЙ СОБСТВЕННОСТИ(12) **ЗАЯВКА НА ИЗОБРЕТЕНИЕ**

(21)(22) Заявка: 2019121815, 11.07.2019

Приоритет(ы):

(30) Конвенционный приоритет:

12.07.2018 ЕР 18183133.0;

05.09.2018 ЕР 18192624.7

(43) Дата публикации заявки: 14.01.2021 Бюл. № 2

Адрес для переписки:

123242, Москва, пл. Кудринская, д. 1, а/я 35,

"Михайлюк, Сороколат и партнеры -

патентные поверенные"

(71) Заявитель(и):

Эвоник Оперейшенс ГмбХ (DE)

(72) Автор(ы):

БЕКЕЛЬ, Томас (DE),

ШНАЙДЕР, Франк (DE),

ТИРБАХ, Георг (DE),

ВОС, Корнелия (DE)

(54) **СПОСОБ ФЕРМЕНТАТИВНОГО ПОЛУЧЕНИЯ L-ЛИЗИНА**

(57) Формула изобретения

1. Способ ферментативного получения L-лизина, предусматривающий стадии:

а) обеспечения бактерии вида *Corynebacterium glutamicum*, обладающей способностью экскретировать L-лизин, содержащей в своей хромосоме полинуклеотид, который кодирует полипептид, обладающий активностью фактора транскрипции и содержащий аминокислотную последовательность под SEQ ID NO:2, где аминокислота аспарагин в положении 210 заменена на другую протеиногенную аминокислоту,

б) культивирования бактерии в подходящей среде при подходящих условиях и

с) накопления указанного L-лизина в среде с образованием ферментационного бульона, содержащего L-лизин.

2. Способ по п. 1, где в приведенной бактерии указанная аминокислота в положении 210 аминокислотной последовательности под SEQ ID NO:2 представляет собой аспарагиновую кислоту или глутаминовую кислоту.

3. Способ по п. 2, где в приведенной бактерии указанная аминокислота в положении 210 аминокислотной последовательности под SEQ ID NO:2 представляет собой аспарагиновую кислоту.

4. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 375-1328 в SEQ ID NO:1, при этом нуклеотидные основания в положениях 1002-1004 представляют собой gac или gat.

5. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 375-1331 в SEQ ID NO:1, при этом нуклеотидные основания в положениях 1002-1004 представляют собой gac или gat.

6. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий

указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 114-1331 в SEQ ID NO:1, при этом нуклеотидные основания в положениях 1002-1004 представляют собой gac или gat.

7. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 114-1402 в SEQ ID NO:1, при этом нуклеотидные основания в положениях 1002-1004 представляют собой gac или gat.

8. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 375-1328 в SEQ ID NO:5.

9. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 375-1331 в SEQ ID NO:5.

10. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 114-1331 в SEQ ID NO:5.

11. Способ по п. 3, где в приведенной бактерии полинуклеотид, кодирующий указанную аминокислотную последовательность, содержит нуклеотидную последовательность, соответствующую положениям 114-1402 в SEQ ID NO:5.