(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2011년02월09일
(11) 등록번호 10-1012231
(24) 등록일자 2011년01월25일

(51) Int. Cl.
C12N 15/54 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2002-7011741
(22) 출원일자(국제출원일자) 2000년12월22일
심사청구일자 2002년09월07일
(85) 번역문제출일자 2002년09월07일
(65) 공개번호 10-2002-0086616
(43) 공개일자 2002년11월18일
(86) 국제출원번호 PCT/IB2000/002035
(87) 국제공개번호 WO 2001/66573
국제공개일자 2001년09월13일
(30) 우선권주장
60/187,970 2000년03월09일 미국(US)
09/606,740 2000년06월23일 미국(US)
(56) 선행기술조사문헌
Molecules & Cells 8(3):286-294 (1998.6.)
FEMS Microbiology Reviews 16:243-252 (1995)
전체 청구항 수 : 총 3 항

(73) 특허권자
에보니크 데구사 게엠베하
독일 45128 에쎈 렐링하우저 스트라쎄 1-11
(72) 발명자
폼페유스,마르쿠스
독일67251프라인스하임벤엔스트라쎄21
크뢰거,부르크하르트
독일67117림부르거호프임발트호프1
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
장수길, 김영

심사관 : 김정희

(54) 대사 경로 단백질을 코딩하는 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자

(57) 요 약

본 발명은 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*)으로부터의 신규 MP 단백질을 코딩하는, MP 핵산 분자로 언급되는 단리된 핵산 분자에 대해 기재하고 있다. 또한, 본 발명은 안티센스 핵산 분자, MP 핵산 분자를 함유하는 재조합 발현 벡터, 및 상기 발현 벡터가 도입된 숙주 세포를 제공한다. 또한, 본 발명은 단리된 MP 단백질, 돌연변이된 MP 단백질, 융합 단백질, 항원성 펩티드, 및 코리네박테리움 글루타미쿰에서 MP 유전자의 유전공학을 토대로 상기 생물로부터 원하는 화합물의 생산성을 개선시키는 방법을 제공한다.

(72) 발명자

슈뢰더,하르트비히

독일69226누슬로흐괴테스트라쎄5

첼더,오스카

독일67346슈프레이어로쓰마르크스트라쎄27

하버-하우어,그레거

독일67117림부르거호프모젤스트라쎄42

김,준-원

서울특별시성북구안암동고려대학교생명공학대학원

이,홍-식

서울특별시성북구안암동고려대학교생명공학대학원

황,병-준

서울특별시성북구안암동고려대학교생명공학대학원

(81) 지정국

AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, TZ, UA, UG, UZ, VN, YU, ZA, ZW, GD, BZ, MZ, AP(KE, LS, MW, SD, SZ, UG, SL, GH, GM, ZW, MZ, TZ), EA(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), EP(AT, BE, CH, DE, DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE, FI, CY, TR), OA(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG, GW),

특허청구의 범위

청구항 1

삭제

청구항 2

삭제

청구항 3

삭제

청구항 4

삭제

청구항 5

삭제

청구항 6

삭제

청구항 7

삭제

청구항 8

삭제

청구항 9

삭제

청구항 10

삭제

청구항 11

삭제

청구항 12

삭제

청구항 13

삭제

청구항 14

삭제

청구항 15

삭제

청구항 16

삭제

청구항 17

삭제

청구항 18

(a) 서열 5에 기재된 뉴클레오티드 서열, 또는 그의 완전한 상보체로 이루어진 핵산 분자로 이루어진 군으로부터 선택되는, 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*)으로부터의 단리된 핵산 분자; 및

(b) 서열 6에 기재된 서열로 이루어진 폴리펩티드를 코딩하는 단리된 핵산 분자, 또는 그의 완전한 상보체

로 이루어진 군으로부터 선택되는 핵산 분자를 포함하는 벡터로 형질감염되고, 상기 핵산 분자의 발현으로 인해 L-리신의 생산이 조절되는 코리네박테리움 글루타미쿰 숙주 세포.

청구항 19

삭제

청구항 20

삭제

청구항 21

삭제

청구항 22

삭제

청구항 23

삭제

청구항 24

삭제

청구항 25

삭제

청구항 26

삭제

청구항 27

삭제

청구항 28

(a) 서열 5에 기재된 뉴클레오티드 서열, 또는 그의 완전한 상보체로 이루어진 핵산 분자로 이루어진 군으로부터 선택되는, 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*)으로부터의 단리된 핵산 분자; 및

(b) 서열 6에 기재된 서열로 이루어진 폴리펩티드를 코딩하는 단리된 핵산 분자, 또는 그의 완전한 상보체

로 이루어진 군으로부터 선택되는 핵산 분자 1종 이상을 포함하는 벡터를 함유하는 세포가 L-리신을 생산하도록 상기 세포를 배양하는 것을 포함하는, L-리신의 생산 방법.

청구항 29

삭제

청구항 30

제28항에 있어서, 상기 배양물로부터 L-리신을 회수하는 단계를 더 포함하는 방법.

청구항 31

삭제

청구항 32

삭제

청구항 33

삭제

청구항 34

삭제

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

삭제

청구항 41

삭제

청구항 42

삭제

청구항 43

삭제

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

명 세 서

[0001] 관련 출원

[0002] 본 출원은 미국 특허 출원 제09/606,740호 (2000년 6월 23일 출원)에 대한 부분 계속 출원이다. 또한, 본 출원은 미국 특허 출원 제09/603,124호 (2000년 6월 23일 출원)에 대한 부분 계속 출원이다. 본 출원은 기존에 출원된 미국 임시 특허 출원 제60/141031호 (1999년 6월 25일 출원), 미국 임시 특허 출원 제60/142101호 (1999년 7월 2일 출원), 미국 임시 특허 출원 제60/148613호 (1999년 8월 12일 출원), 미국 임시 특허 출원 제60/187970호 (2000년 3월 9일 출원), 및 독일 특허 출원 제19931420.9호 (1999년 7월 8일 출원)에 대한 우선권을 청구한다. 상기 언급한 모든 출원은 이 거명을 통해 그 전문이 본 명세서에 참고문헌으로 포함된다.

배 경 기 술

[0003] 세포에서 자연 발생적 대사 과정의 특정 생성물 및 부산물은 식품, 사료, 화장품 및 제약 산업을 비롯한 다양한 산업 분야에 이용된다. 총체적으로 "정밀화학물질"로 언급되는 이들 분자에는 유기산, 단백질생성 및 비-단백질생성 아미노산, 뉴클레오티드 및 뉴클레오시드, 지질 및 지방산, 디올, 탄수화물, 방향족 화합물, 비타민 및 보조인자, 및 효소가 포함된다. 이들의 생성은 원하는 특정 분자를 대량으로 생산하고 분비하도록 개발된 박테리아의 대규모 배양을 통해 가장 편리하게 수행된다. 이러한 목적에 특히 유용한 생물은 그람 양성의 비병원성 박테리아인 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*)이다. 균주 선별을 통해, 일련의 바람직한 화합물을 생산하는 다수의 돌연변이 균주가 개발되어 있다. 그러나, 특정 분자 생산의 개선을 위한 균주 선별은 시간 소모적이고 어려운 과정이다.

[0004] <발명의 개요>

[0005] 본 발명은 다양한 용도를 갖는 신규 박테리아 핵산 분자를 제공한다. 상기 용도로는 정밀화학물질 (예를 들어, 리신 및 메티오닌과 같은 아미노산)의 생산에 이용될 수 있는 미생물의 확인, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아에서 정밀화학물질의 생산 조절, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아의 유형 분류 (typing) 또는 확인, 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈을 맵핑하기 위한 기준점으로서의 용도, 및 형질전환용 마커로서의 용도 등이 있다. 이들 신규 핵산 분자는 본원에서 대사 경로 (MP) 단백질로 언급되는 단백질을 코딩한다.

[0006] 코리네박테리움 글루타미쿰은 다양한 정밀화학물질의 대규모 생산, 탄화수소의 분해 (예를 들어, 광유 스필) 및 테르페노이드의 산화를 위해 산업적으로 통상 사용되는 그람 양성 호기성 박테리아이다. 따라서, 본 발명의 MP 핵산 분자는 발효 공정 등에 의한 정밀화학물질 생산에 이용할 수 있는 미생물 확인에 사용할 수 있다. 본 발명의 MP 핵산의 발현 조절 또는 본 발명의 MP 핵산 분자의 서열 변형을 이용하여 미생물로부터 1종 이상의 정밀화학물질의 생산을 조절할 수 있다 (예를 들어, 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 종으로부터 1종 이상의 정밀화학물질의 수율 또는 생산성을 개선하기 위함). 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 MP 유전자는 동일하거나 상이한 대사 경로에 관여하는 1종 이상의 유전자와 함께 미생물로부터 1종 이상의 정밀화학물질의 생산성을 조절한다.

[0007] 또한, 본 발명의 MP 핵산은 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 것일 수 있는 생물을 확인하거나, 혼합된 미생물 집단에서 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 미생물의 존재 여부를 확인하는 데 사용할 수도 있다. 본 발명은 단일 또는 혼합된 미생물 집단의 배양물에서 추출된 게놈 DNA를 엄격 조건 하에 코리네박테리움 글루타미쿰에 고유한 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자 영역에 걸쳐 있는 프로브를 사용하여 탐침함으로써 이 생물의 존재 여부를 확인할 수 있는 다수의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 핵

산 서열을 제공한다. 코리네박테리움 글루타미쿰 그 자체는 인간에게 병원성이 아니지만, 코리네박테리움 디프테리아 (*Corynebacterium diphtheriae*) (디프테리아의 원인균)와 같이, 인간에게 병원성인 종과 관련되어 있고, 이러한 생물의 검출은 임상적으로 상당히 중요하다.

[0008] 본 발명의 MP 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈 또는 관련 생물의 게놈을 맵핑하기 위한 기준점으로 작용할 수도 있다. 유사하게, 이들 분자, 그의 변이체 또는 일부는 유전공학적으로 조작된 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 종을 위한 마커로 작용할 수도 있다.

[0009] 본 발명의 신규 핵산 분자에 의해 코딩되는 MP 단백질은 예를 들어, 아미노산 (예를 들어, 리신 및 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제 (nutraceutical), 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 및 트레할로스 등의 특정 정밀화학물질의 대사에 관여하는 효소적 단계를 수행할 수 있다. 미국 특허 제4,649,119호 [Sinskey et al.]에 개시된 클로닝 벡터와 같은 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 클로닝 벡터, 및 코리네박테리움 글루타미쿰 및 관련된 브레비박테리움 종 (예를 들어, 락토페르멘툼)의 유전 조작 기술 (문헌 [Yoshihama et al, J. Bacteriol. 162: 591-597 (1985)], 문헌 [Katsumata et al., J. Bacteriol. 159: 306-311 (1984)], 및 문헌 [Santamaria et al., J. Gen. Microbiol. 130: 2237-2246 (1984)])을 이용하여 본 발명의 핵산 분자를 가지고 이 생물을 유전공학적으로 조작함으로써, 이 생물이 1종 이상의 정밀화학물질의 보다 우수하거나 보다 효율적인 생산자가 되도록 할 수 있다.

[0010] 정밀화학물질의 생산 효율 또는 생산성 개선은 본 발명 유전자 조작의 직접적인 효과에서 기인하거나, 이러한 조작의 간접적인 효과에서 기인할 수 있다. 구체적으로, 코리네박테리움 글루타미쿰에서의 아미노산 (예를 들어, 리신 및 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드 및 트레할로스 대사 경로 변화는 이 생물에서 1종 이상의 상기 원하는 화합물의 전반적인 생산성에 직접적인 영향을 미칠 수 있다. 예를 들어, 리신 또는 메티오닌 생합성 경로 단백질의 활성을 최적화시키거나 리신 또는 메티오닌 분해 경로 단백질의 활성을 감소시키면, 이 유전공학적으로 조작된 생물로부터의 리신 또는 메티오닌 생산 효율 또는 수율을 증가시킬 수 있다. 이러한 대사 경로에 관여하는 단백질들의 변화는 원하는 정밀화학물질의 생산 효율 또는 수율에 간접적인 효과를 미칠 수도 있다. 예를 들어, 원하는 분자의 생산에 필요한 중간체에 대한 경쟁 반응을 없애거나, 원하는 화합물의 특정 중간체 생산에 필요한 경로를 최적화할 수 있다. 또한, 예를 들어 아미노산 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌), 비타민, 또는 뉴클레오티드의 생합성 또는 분해를 조절하여, 미생물이 빠르게 성장하고 빠르게 분열할 수 있도록 이 미생물의 전반적인 능력을 증가시킴으로써 배양물 중의 미생물 개수 및(또는) 생산력이 증가되도록 한다면, 원하는 정밀화학물질의 가능한 수율을 증가시킬 수 있다.

[0011] 본 발명의 핵산 및 단백질 분자를 단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 핵산 및 단백질 분자 1종 이상과 함께 이용하여, 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 1종 이상의 원하는 정밀화학물질 (예를 들어, 메티오닌 또는 리신)의 생산 효율 또는 생산성을 직접 개선시킬 수 있다. 당업계에 공지된 재조합 유전 기술을 이용하여, 아미노산 (예를 들어, 리신 및 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스에 관한 본 발명의 생합성 또는 분해 효소 1종 이상을 조작하여, 그 기능을 조절할 수 있다. 예를 들면, 생합성 효소의 효율을 개선시키거나, 이 효소의 알로스테릭 제어 영역을 파괴하여 화합물 생산의 피드백 억제가 저해되도록 할 수 있다. 유사하게, 치환, 결실, 또는 부가에 의해 분해 효소를 결실시키거나 변형시켜, 세포의 생존력을 손상시키지 않고 원하는 화합물에 대한 분해 활성이 감소되게 할 수 있다. 각 경우에서, 원하는 정밀화학물질 생산의 전반적인 수율 또는 생산 속도가 증가될 수 있다.

[0012] 또한, 본 발명의 단백질 및 핵산 분자에서의 이러한 변화는 아미노산 (예를 들어, 리신 및 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 및 트레할로스의 생산 뿐 아니라, 간접 메카니즘을 통해 다른 정밀화학물질의 생산도 개선시킬 수 있다. 임의의 화합물 대사는 세포내 다른 생합성 및 분해 경로와 반드시 얽혀있고, 한 경로에 필요한 보조인자, 중간체 또는 기질은 그러한 다른 경로에 의해 공급되거나 제한되는 것으로 보인다. 그러므로, 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성을 조절하여, 다른 정밀화학적 생합성 또는 분해 경로의 활성 효율 또는 생산성에 영향을 미칠 수 있다. 예를 들어, 아미노산은 모든 단백질의 구조 단위로 기능하지만, 세포내에서는 단백질 합성을 제한하는 수준으로 존재한다; 그러므로, 세포내에서 아미노산 1종 이상의 수율 또는 생산 효율을 증가시켜, 생합성 단백질 또는 분해 단백질 등의 단백질이 더욱 쉽게 합성되도록 할 수 있다. 유사하게, 대사 경로 효소의 변화로 특정 부반응이 더욱 또는 덜 일어나게 되어, 원하는 정밀화학물질의 생산에 중간체 또는 기질로 이용되는 화합물 1종 이상의 과잉생산 또는 생산부족을 초래할 수 있다.

[0013] 본 발명은, 아미노산 (예를 들어, 리신 및 메티오닌), 비타민, 보조인자, 뉴클레오티드 및 뉴클레오시드 또는 트레할로스 등 세포의 정상적인 기능에 중요한 분자들의 대사에 관여하는 효소적 단계 등을 수행할 수 있으며,

본원에서 대사 경로 ("MP") 단백질로 언급되는 단백질을 코딩하는 신규 핵산 분자를 제공한다. MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자는 본원에서 MP 핵산 분자로 언급된다. 바람직한 실시양태에서, MP 단백질은 단독으로 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 단백질 1종 이상과 함께, 다음 중 1종 이상의 대사와 관련된 효소적 단계를 수행한다: 아미노산 (예를 들어, 리신 및 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 및 트레할로스. 이러한 단백질의 예로는 표 1에 기재된 유전자에 의해 코딩되는 단백질을 들 수 있다.

[0014] 따라서, 본 발명의 한 측면은 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단리된 핵산 분자 (예를 들어, cDNA, DNA 또는 RNA) 뿐만 아니라 MP 코딩 핵산 (예를 들어, DNA 또는 mRNA)의 검출 또는 증폭을 위한 프라이머 또는 혼성화 프로브로서 적합한 핵산 단편에 관한 것이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 서열목록에서 홀수 서열 번호로 기재된 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열 1, 서열 3 또는 서열 5) 중 하나, 또는 이들 뉴클레오티드 서열 중 하나의 코딩 영역 또는 그의 상보체를 포함한다. 특히 바람직한 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열목록에서 홀수 서열 번호 (예를 들어, 서열 1, 서열 3 또는 서열 5)로 기재된 뉴클레오티드 서열 또는 그의 일부와 혼성화되거나, 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6)로 기재된 아미노산 서열 중 하나를 코딩한다. 또한, 본 발명의 바람직한 MP 단백질은 본원에 기재된 MP 활성 중 적어도 하나를 갖는 것이 바람직하다.

[0015] 다른 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 단백질 또는 그의 일부를 코딩하는데, 여기서 상기 단백질 또는 그의 일부는 본 발명의 아미노산 서열과 충분한 상동성이 있는 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호를 갖는 서열 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6)), 예를 들어 상기 단백질 또는 그의 일부가 MP 활성을 유지할 수 있을 만큼 본 발명의 아미노산 서열과 충분한 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함한다. 바람직하게는, 상기 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질 또는 그의 일부는 아미노산 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로에서 효소 반응의 수행력을 유지한다. 한 실시양태에서, 상기 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6)를 갖는 서열로부터 선택된 전체 아미노산 서열)과 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있다. 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (서열목록 중의 상응하는 홀수 서열 번호 (예를 들어, 서열 1, 서열 3 또는 서열 5)로 나타낸 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성이 있는 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질이다.

[0016] 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 유래하고, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6) 중 하나의 서열)와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있으며 아미노산 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 반응을 촉매할 수 있거나 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 갖는 생물학적 활성 도메인을 포함하며, 이종 폴리펩티드 또는 조절 영역을 코딩하는 이종 핵산 서열도 포함하는 단백질 (예를 들어, MP 융합 단백질)을 코딩한다.

[0017] 다른 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 그 길이가 뉴클레오티드 15개 이상이고 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호 (예를 들어, 서열 1, 서열 3 또는 서열 5))을 포함하는 핵산 분자와 엄격 조건 하에서 혼성화된다. 바람직하게는, 단리된 핵산 분자는 자연 발생 핵산 분자에 상응한다. 더욱 바람직하게는, 단리된 핵산은 자연 발생의 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩한다.

[0018] 본 발명의 다른 측면은 본 발명의 핵산 분자를 단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로에 관여하는 1종 이상의 핵산 분자와 함께 포함하는 벡터, 예를 들어 재조합 벡터, 및 이러한 벡터가 도입된 숙주 세포에 관한 것

이다. 한 실시양태에서, 상기 숙주 세포는 이 숙주 세포를 적당한 배지에서 배양하여 MP 단백질을 생산하는 데 사용된다. 이어서, MP 단백질을 배지 또는 숙주 세포로부터 단리할 수 있다.

[0019] 본 발명의 다른 측면은 MP 유전자가 단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로에 관여하는 1종 이상의 핵산 분자와 함께 도입되거나 변화되어 유전자적으로 변화된 미생물에 관한 것이다. 한 실시양태에서, 미생물의 게놈은 1종 이상의 야생형 또는 돌연변이된 MP 서열을 코딩하는 본 발명의 핵산 분자를 단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로에 관여하는 1종 이상의 핵산 분자와 함께 트랜스 유전자 (transgene)로서 도입함으로써 변화된다. 다른 실시양태에서, 미생물 게놈 내의 내생성 MP 유전자가 1종 이상의 변화된 MP 유전자와의 상동성 재조합에 의해 변화되었는데, 예를 들면 기능적으로 붕괴된다. 다른 실시양태에서, 미생물 내의 1종 이상의 내생성 MP 유전자, 또는 단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로에 관여하는 1종 이상의 핵산 분자와 함께 도입된 MP 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변화되었지만, 여전히 기능성 MP 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 단독으로, 또는 1종 이상의 MP 유전자 또는 동일하거나 상이한 대사 경로에 관여하는 1종 이상의 핵산 분자와 함께 미생물에 있는 1종 이상의 MP 유전자 조절 영역 (예를 들어, 프로모터, 레프레서 (repressor) 또는 인듀서 (inducer))을 (예를 들어, 결실, 말단 절단 (truncation), 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 1종 이상의 MP 유전자 발현이 조절되도록 변화시킨다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속에 포함되는데, 코리네박테리움 글루타미쿰인 것이 특히 바람직하다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 아미노산, 특히 바람직하게는 리신 및 메티오닌과 같은 원하는 화합물의 생산에도 사용된다. 특히 바람직한 실시양태에서, MP 유전자는 *metZ* 유전자 (서열 1), *metC* 유전자 (서열 3) 또는 RXA00657 유전자 (서열 5)이며, 이는 단독으로, 또는 본 발명의 1종 이상의 MP 유전자 또는 메티오닌 및 (또는) 리신 대사에 관여하는 1종 이상의 유전자와 함께 사용된다.

[0020] 다른 측면에서, 본 발명은 한 대상체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 확인하는 방법을 제공한다. 이 방법은 한 대상체에서 본 발명의 핵산 또는 아미노산 서열 (예를 들어, 표 1 및 서열목록에서 서열 1 내지 122로 기재된 서열)을 하나 이상 검출함으로써, 상기 대상체에서의 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 검출하는 것을 포함한다.

[0021] 본 발명의 다른 측면은 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부, 예를 들어 그의 생물학적 활성 부위에 관한 것이다. 바람직한 실시양태에서, 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부는 단독으로, 또는 본 발명의 1종 이상의 MP 단백질 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 단백질 1종 이상과 함께, 아미노산 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스의 대사 경로 중 하나 이상에 관여하는 효소 반응을 촉매할 수 있다. 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스의 대사 경로 중 하나 이상에 관여하는 효소 반응을 촉매할 수 있는 능력을 유지할 수 있을 만큼 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6))과 충분한 상동성이 있다.

[0022] 또한, 본 발명은 MP 단백질의 단리된 제제를 제공한다. 바람직한 실시양태에서, MP 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6))을 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 본 발명은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6)) (서열목록에서 상응하는 홀수 서열 번호 (예를 들어, 서열 1, 서열 3 또는 서열 5)에 기재된 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성이 있는 단리된 전장 단백질에 관한 것이다. 다른 실시양태에서, 상기 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6))과 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있다. 다른 실시양태에서, 단리된 MP 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 중 하나 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4 또는 서열 6))와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함하고, 단독으로, 또는 본 발명의 1종 이상의 MP 단백질 또는 동일하거나 상이한 임의의 대사 경로 단백질과 함께 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 하나 이상의 활성을 갖는다.

[0023] 별법으로, 단리된 MP 단백질은 서열목록에 기재된 짝수 서열 번호 중 하나의 뉴클레오티드 서열과 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64

%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열에 혼성화되는, 예를 들어 엄격 조건 하에서 혼성화되는 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 또한, MP 단백질의 바람직한 형태가 본원에 기재된 MP 생물활성 하나 이상을 갖는 것이 바람직하다.

[0024] MP 폴리펩티드 또는 그의 생물학적 활성 부위를 MP 폴리펩티드가 아닌 폴리펩티드와 작동가능하게 연결되어 융합 단백질을 형성할 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질의 활성은 MP 단백질만의 활성과는 다르다. 다른 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질이 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제 대사 경로에 도입되는 경우, 이 융합 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰로부터 원하는 정밀화학물질의 생산 효율 및(또는) 수율을 증가시킨다. 특히 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질을 숙주 세포의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로에 도입시켜 숙주 세포로부터 원하는 화합물이 생산되는 것을 조절한다.

[0025] 다른 측면에서, 본 발명은 MP 단백질 그 자체, 또는 이 MP 단백질의 기질이나 결합 파트너와 상호작용시키거나 본 발명의 MP 핵산 분자의 전사 또는 번역을 조절함으로써 MP 단백질의 활성을 조절하는 분자의 스크리닝 방법을 제공한다.

[0026] 본 발명의 다른 측면은 정밀화학물질의 생산 방법에 관한 것이다. 이 방법은 본 발명의 MP 핵산 분자가 단독으로, 또는 본 발명의 1종 이상의 MP 핵산 분자 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 임의의 핵산 분자와 함께 발현되도록 지시하는 1종 이상의 벡터를 함유하는 세포를 배양하여 정밀화학물질을 생산하는 것을 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 이 방법은 MP 핵산의 발현을 지시하는 벡터로 세포를 형질감염시켜 상기 벡터를 함유하는 세포를 수득하는 단계를 추가로 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 이 방법은 배양물로부터 정밀화학물질을 회수하는 단계를 추가로 포함한다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 세포는 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속에 속하는 것이거나, 표 3에 기재된 균주로부터 선택된다. 다른 바람직한 실시양태에서, MP 유전자는 *metZ* 유전자 (서열 1), *metC* 유전자 (서열 3) 또는 RXA00657로 표시된 유전자 (서열 5)로서, 단독으로, 또는 본 발명의 MP 핵산 분자들 1종 이상과 함께, 또는 메티오닌 및(또는) 리신 대사에 관여하는 1종 이상의 유전자와 함께 존재한다. 또다른 바람직한 실시양태에서, 정밀화학물질은 아미노산, 예를 들어 L-리신 및 L-메티오닌이다.

[0027] 본 발명의 다른 측면은 미생물로부터 분자가 생산되는 것을 조절하는 방법에 관한 것이다. 이러한 방법은 MP 단백질 활성 또는 MP 핵산 발현을 조절하는 작용제와 세포를 접촉시켰을 때의 세포 관련 활성이 상기 작용제의 부재 하에서의 상기 활성에 대해 변화되도록 하는 것을 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로 중 하나 이상을 조절하여, 이 미생물에 의한 원하는 정밀화학물질의 생산 속도 또는 수율을 개선시킨다. MP 단백질 활성을 조절하는 작용제는 MP 단백질 활성 또는 MP 핵산 발현을 자극하는 작용제일 수 있다. MP 단백질 활성 또는 MP 핵산 발현을 자극하는 작용제의 예로는 소분자, 활성 MP 단백질, 및 세포에 도입된 MP 단백질을 코딩하는 핵산이 있다. MP 활성 또는 발현을 억제하는 물질의 예로는 소분자 및 안티센스 MP 핵산 분자 등이 있다.

[0028] 본 발명의 다른 측면은 야생형 또는 돌연변이 MP 유전자를 단독으로, 또는 본 발명의 1종 이상의 MP 핵산 분자 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 임의의 핵산 분자와 함께 세포에 도입하여, 이 유전자가 세포내에서 별개의 플라스미드 상에 유지되거나 숙주 세포의 게놈 내로 통합되도록 하는 것을 포함하는, 세포로부터의 원하는 화합물의 수율을 조절하는 방법에 관한 것이다. 게놈 내로 통합되는 경우, 이러한 통합은 무작위적일 수도 있고, 도입된 카피가 천연 유전자를 대체하도록하는 상동성 재조합에 의해 일어날 수도 있는데, 이러한 통합에 의해 세포로부터의 원하는 화합물의 생산이 조절된다. 바람직한 실시양태에서, 상기 수율은 증가한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 화합물은 정밀화학물질이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 정밀화학물질은 아미노산이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 아미노산은 L-리신 및 L-메티오닌이다. 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 유전자는 *metZ* 유전자 (서열 1), *metC* 유전자 (서열 3), 또는 RXA00657 유전자 (서열 5)로서, 단독으로 또는 본 발명의 MP 핵산 분자들 1종 이상과 함께, 또는 메티오닌 및(또는) 리신 대사에 관여하는 1종 이상의 유전자와 함께 존재한다.

발명의 상세한 설명

[0029] 본 발명은 아미노산 (예를 들어, 리신 및 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 및 트레할로스를 비롯한 코리네박테리움 글루타미쿰의 특정 정밀화학물질의 대사에 관여하는 MP 핵산 및 단백질 분자를 제공한다. 본 발명의 분자를 이용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 등의 미생물로부터의 정밀화학물질 생산을 직접 조절 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌 생합성 단백질의 활성 조절이 이 생물로부터의 리신 또는 메티오닌 생산 효율 및 생산성에 직접적인 영향을 미침)할 수 있거나, 역시 원하는 화합물의 생산 효율 또는 수율의 증가를 초래하는 간접적인 효과 (예를 들어, 뉴클레오티드 생합성 단백질의 활성 조절이 이 박테리아로부터의 유기산 또는 지방산 생산에 영향을 미치는데, 이는 필요한 보조인자, 에너지 화합물 또는 전구체 분자의 공급 증가 또는 성장 개선에 기인한 것일 수 있음)를 발휘할 수 있다. MP 분자는 단독으로 또는 본 발명의 다른 MP 분자와 함께 사용되거나, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌 대사)에 관여하는 다른 분자와 함께 사용될 수 있다. 바람직한 실시양태에서, MP 분자는 *metZ* (서열 1), *metC* (서열 3) 또는 RXA00657 (서열 5) 핵산 분자, 및 이들 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질 (각각 서열 2, 서열 4 및 서열 6)이다. 본 발명의 측면은 아래에 더욱 자세히 기재되어 있다.

[0030] I. 정밀화학물질

[0031] 용어 "정밀화학물질"은 당업계에 잘 인지되어 있고, 제약, 농업 및 화장품 산업과 같은, 그러나 이에 제한되지 않는 다양한 산업에 이용되는 생물에 의해 생산되는 분자를 포함한다. 이러한 화합물로는 타르타르산, 이타콘산 및 디아미노피멜산과 같은 유기산, 단백질생성 및 비-단백질생성 아미노산, 퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오시드, 및 뉴클레오티드 (예를 들어, 문헌 [Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and related compounds, p.561-612, in Biotechnology vol. 6, Rehm et al., eds. VCH: Weinheim] 및 거기에 포함된 참고문헌에 기재됨), 지질, 포화 및 불포화 지방산 (예를 들어, 아라키돈산), 디올 (예를 들어, 프로판디올 및 부탄디올), 탄수화물 (예를 들어, 히알루론산 및 트레할로스), 방향족 화합물 (예를 들어, 방향족 아민, 바닐린 및 인디고), 비타민 및 보조인자 (문헌 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A27, "Vitamins", p.443-613 (1996) VCH: Weinheim] 및 그 안의 참고문헌, 및 문헌 [Ong, A.S., Niki, E. & Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health, and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia, and the Society for Free Radical Research-Asia, held Sept. 1-3,1994 at Penang, Malaysia, AOCS Press, (1995)]에 기재되어 있음), 효소, 폴리케티드 [Cane et al. (1998) Science 282: 63-68], 및 문헌 [Gutcho (1983) Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086] 및 그 안의 참고문헌에 기재된 다른 모든 화학물질이 있다. 이들 정밀화학물질 중의 특정 대사 및 용도는 아래에 더욱 자세히 기재될 것이다.

[0032] *A. 아미노산 대사 및 용도*

[0033] 아미노산은 모든 단백질의 기본 구조 단위를 구성하므로 모든 생물에서 정상적인 세포 기능에 필수적이다. 용어 "아미노산"은 당업계에 인지되어 있다. 아미노산 중 단백질생성 아미노산은 20종이며 펩티드 결합으로 연결되어 있는 단백질의 구조 단위로 작용하는 반면, 비-단백질생성 아미노산 (수백 종이 공지되어 있음)은 정상적으로는 단백질에서 발견되지 않는다 (문헌 [Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A2, p.57-97 VCH: Weinheim (1985)] 참조). 아미노산은 D-광학 또는 L-광학 구조일 수 있지만, L-아미노산이 통상적으로 자연 발생 단백질에서 발견되는 유일한 형태이다. 20종의 단백질생성 아미노산 각각의 생합성 및 분해 경로의 특징은 원핵세포 및 진핵세포 둘 다에서 잘 규명되어 있다 (예를 들어, 문헌 [Stryer, L. Biochemistry, 3rd edition, pages 578-590 (1988)] 참조). 생합성의 복잡성으로 인한 일반적인 영양 요구물이기 때문에 "필수" 아미노산이라고 지칭되는 아미노산 (히스티딘, 이소루이신, 루이신, 리신, 메티오닌, 페닐알라닌, 트레오닌, 트립토판 및 발린)은 단순한 생합성 경로에 의해 나머지 11종의 "비필수" 아미노산 (알라닌, 아르기닌, 아스파라진, 아스파르테이트, 시스테인, 글루타메이트, 글루타민, 글리신, 프롤린, 세린 및 티로신)으로 쉽게 전환된다. 고등동물은 이들 아미노산 중 일부를 합성하는 능력을 보유하지만, 필수 아미노산은 식사로부터 공급되어야 정상적인 단백질 합성이 일어난다.

[0034] 아미노산의 단백질 생합성에서의 기능 이외에도, 이들 아미노산은 그 자체가 흥미로운 화학물질이고, 다수의 아미노산이 식품, 사료, 화학물질, 화장품, 농업 및 제약 산업에 다양하게 사용될 수 있는 것으로 밝혀져 있다. 리신은 인간 뿐만 아니라 가금 및 돼지와 같은 단위 (monogastric) 동물의 영양에 있어서도 중요한 아미노산이다. 글루타메이트는 향미제 첨가물 (모노-소듐 글루타메이트, MSG)로서 가장 흔히 사용되고, 아스파르테이트, 페닐알라닌, 글리신 및 시트테인도 식품 산업 전반에 걸쳐 광범위하게 사용된다. 글리신, L-메티오닌 및 트립토판은 모두 제약 산업에 사용된다. 글루타민, 발린, 루이신, 이소루이신, 히스티딘, 아르기닌, 프롤린, 세린

및 알라닌은 제약 및 화장품 산업 둘 다에 사용된다. 트레오닌, 트립토판 및 D/L-메티오닌은 통상적인 사료 첨가제이다 (문헌 [Leuchtenberger, W. (1996) Amino acids-technical production and use, p.466-502 in Rehm et al. (eds.) Biotechnology vol. 6, chapter 14a, VCH: Weinheim]). 또한, 이들 아미노산은 합성 아미노산 및 단백질, 예를 들어 N-아세틸시스테인, S-카르복시메틸-L-시스테인, (S)-5-히드록시트립토판, 및 문헌 [Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A2, p.57-97, VCH: Weinheim, 1985]에 기재된 다른 것의 합성을 위한 전구체로 유용하다는 것이 밝혀져 있다.

[0035] 박테리아 등과 같이 이들 천연 아미노산을 생산할 수 있는 생물에서의 이들 천연 아미노산의 생합성 특징은 잘 규명되어 있다 (박테리아 아미노산 생합성 및 그의 조절에 대한 검토는 문헌 [Umbarger, H.E. (1978) Ann. Rev. Biochem. 47: 533-606] 참조). 글루타메이트는 시트르산 사이클의 중간체인 α-케토글루타레이트의 환원성 아미노화에 의해 합성된다. 글루타민, 프롤린 및 아르기닌은 각각 글루타메이트로부터 생성된다. 세린의 생합성은 3-포스포글리세레이트 (해당작용의 중간체)로 출발하여, 산화, 트랜스아미노화 및 가수분해의 3 단계 과정 후에 세린이 생성된다. 시스테인 및 글리신은 둘 다 세린으로부터 생성되는데, 시스테인은 호모시스테인과 세린의 축합에 의해 생성되며, 글리신은 세린 트랜스히드록시메틸라제에 의해 촉매되는 반응에서 측쇄 β-탄소 원자가 테트라히드로폴레이트로 전달되어 생성된다. 페닐알라닌 및 티로신은 프레페네이트의 합성 후 최종 두 단계에서만 다른 9 단계 생합성 경로에서 해당작용 및 펜토스 포스페이트 경로 전구체인 에리쓰로스 4-포스페이트 및 포스포에놀피루베이트로부터 합성된다. 트립토판도 이들 두 초기 분자로부터 합성되지만, 그의 합성은 11 단계 경로이다. 티로신은 페닐알라닌 히드록실라제에 의해 촉매되는 반응에서 페닐알라닌으로부터 합성될 수도 있다. 알라닌, 발린 및 루이신은 해당작용의 최종 생성물인 피루베이트의 모든 생합성 생성물이다. 아스파르테이트는 시트르산 사이클의 중간체인 옥살로아세테이트로부터 형성된다. 아스파라긴, 메티오닌, 트레오닌 및 리신 각각은 아스파르테이트의 전환에 의해 생성된다. 이소루이신은 트레오닌으로부터 형성된다.

[0036] 메티오닌을 생성하는 생합성 경로는 다양한 생물에서 연구된 바 있다. 제1 단계인 호모세린의 아실화는 모든 생물에서 공통적이지만, 전달되는 아실기의 공급원은 다르다. 에셰리치아 콜라이 (*Escherichia coli*) 및 관련 종은 숙시닐-CoA를 사용하지만 (Michaeli, S. and Ron, E.Z. (1981) Mol. Gen. Genet. 182, 349-354), 사카로마이세스 세레비지애 (*Saccharomyces cerevisiae*)(Langin, T., et al. (1986) Gene 49, 283-293), 브레비박테리움 플라붐 (*Brevibacterium flavum*)(Miyajima, R. and Shiio, I. (1973) J. Biochem. 73, 1061-1068; Ozaki, H. and Shiio, I. (1982) J. Biochem. 91, 1163-1171), 코리네박테리움 글루타미쿰 (Park, S.-D., et al. (1998) Mol. Cells 8, 286-294) 및 렙토스피라 메이에리 (*Leptospira meyeri*) (Belfaiza, J. et al. (1998) 180, 250-255; Bourhy, P., et al. (1997) J. Bacteriol. 179, 4396-4398)는 아실 공여체로서 아세틸-CoA를 사용한다. 아실호모세린으로부터의 호모시스테인 형성은 2가지 다른 방법으로 발생할 수 있다. 이. 콜라이 (*E. coli*)는 시스타티오닌 (cystathionine) γ-신타아제 (*metB*의 산물) 및 시스타티오닌 β-리아제 (*metC*의 산물)에 의해 촉매되는 트랜스 황화 (transsulfuration) 경로를 이용한다. 사카로마이세스 세레비지애 (Cherest, H. and Surdin-Kerjan, Y. (1992) Genetics 130, 51-58), 브레비박테리움 플라붐 (Ozaki, H. and Shiio, I. (1982) J. Biochem. 91, 1163-1171), 슈도모나스 애루기노사 (*Pseudomonas aeruginosa*)(Foglino, M., et al. (1995) Microbiology 141, 431-439) 및 렙토스피라 메이에리 (Belfaiza, J. et al. (1998) 180, 250-255)는 아실호모세린 술프히드릴라제에 의해 촉매되는 직접 술프히드릴화 경로를 이용한다. 직접 술프히드릴화 경로만을 이용하는 밀접하게 관련된 브레비박테리움 플라붐과는 달리, 트랜스 황화 경로의 효소 활성은 코리네박테리움 글루타미쿰 세포의 추출물에서 검출되었고, 상기 경로는 상기 생물에서 메티오닌의 생합성을 위한 통상적인 경로일 것으로 제안되었다 (Hwang, B-J., et al. (1999) Mol. Cells 9, 300-308; Kase, H. and Nakayama, K. (1974) Agr. Biol. Chem. 38, 2021-2030; Park, S.-D. et al. 1998 Mol. Cells 8, 286-294).

[0037] 코리네박테리움 글루타미쿰에서 메티오닌 생합성에 관여하는 일부 유전자들이 단리되긴 했지만, 아직도 코리네박테리움 글루타미쿰에서의 메티오닌 생합성에 대한 정보는 매우 제한적이다. 코리네박테리움 글루타미쿰에서 *metA* 및 *metB* 이외의 유전자는 단리되지 않았다. 코리네박테리움 글루타미쿰에서 메티오닌을 생성하는 생합성 경로를 이해하기 위해, 본 발명자들은 코리네박테리움 글루타미쿰의 *metC* 유전자 (서열 3) 및 *metZ* (또한, *metY*로도 불리움) 유전자 (서열 1)를 단리하여 특성을 규명하였다 (표 1 참조).

[0038] 세포의 단백질 합성 필요량을 초과하는 아미노산은 저장될 수 없고, 그 대신에 분해되어 세포의 주요 대사 경로에 대한 중간체로 제공된다 (이에 대한 검토는 문헌 [Stryer, L. Biochemistry 3rd ed. Ch. 21 "Amino Acid Degradation and the Urea Cycle" p.495-516 (1988)] 참조). 세포가 불필요한 아미노산을 유용한 대사 중간체로 전환시킬 수 있다 하더라도, 아미노산 생성은 에너지, 전구체 분자, 및 이들 아미노산을 합성하는 데 필요한 효소를 고려할 때 손실이 큰 합성이다. 따라서, 특정한 아미노산의 존재가 그 자신의 생성을 서서히 또는 완전

히 중지시키는 피드백 억제에 의해 아미노산의 생합성이 조절된다는 것은 놀라운 일이 아니다 (아미노산 생합성 경로의 피드백 메카니즘에 대한 검토는 문헌 [Stryer, L. Biochemistry 3rd ed. Ch. 24 "Biosynthesis of Amino Acids and Heme" p. 575-600 (1988)] 참조). 따라서, 임의의 특정 아미노산의 생산량은 세포에 존재하는 아미노산의 양에 의해 제한된다.

[0039] *B. 비타민, 보조인자 및 영양제의 대사 및 용도*

[0040] 비타민, 보조인자 및 영양제는 박테리아와 같은 다른 생물에 의해 쉽게 합성된다 하더라도 고등동물이 합성 능력을 상실하여 섭취해야 하는 분자의 다른 군을 구성한다. 이들 분자는 그 자체가 생물활성 물질이거나, 다양한 대사 경로에서 전자 전달자 또는 중간체로 작용할 수 있는 생물학적 활성 물질의 전구체이다. 이들 화합물은 그 영양적 가치 뿐 아니라, 착색제, 산화 방지제 및 촉매로서, 또는 다른 과정의 보조제로서도 상당한 산업적 가치를 갖는다 (이들 화합물의 구조, 활성 및 산업적인 용도에 대한 검토는 예를 들어, 문헌 [Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins" vol. A27, p.443-613, VCH: Weinheim, 1996] 참조). 용어 "비타민"은 당업계에 인지되어 있고, 생물의 정상적인 기능을 위해서는 필요하지만 생물이 스스로 합성할 수 없는 영양분을 포함한다. 비타민 군은 보조인자 및 영양제 화합물도 포함할 수 있다. 용어 "보조인자"는 정상적인 효소 활성이 일어나는 데 필요한 비-단백질성 화합물을 포함한다. 이러한 화합물은 유기성 또는 무기성일 수 있고, 본 발명의 보조인자 분자는 유기성인 것이 바람직하다. 용어 "영양제 (nutraceutical)"는 식물 및 동물, 특히 인간에게 건강상 유익한 식이성 보충물을 포함한다. 이러한 분자의 예로는 비타민, 산화 방지제 및 특정 지질 (예를 들어, 다불포화 지방산)이 있다.

[0041] 이들을 생산할 수 있는 생물, 예를 들어 박테리아에서 일어나는 이들 분자의 생합성의 특징은 잘 규명되어 있다 (문헌 [Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins" vol. A27, p.443-613, VCH: Weinheim, 1996], 문헌 [Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley & Sons], 문헌 [Ong, A.S., Niki, E. & Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health, and Disease "Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia, and the Society for Free Radical Research-Asia, held Sept. 1-3, 1994 at Penang, Malaysia, AOCS Press: Champaign, IL X, 374 S]).

[0042] 티아민 (비타민 B_1)은 피리미딘과 티아졸 잔기의 화학적 커플링에 의해 생성된다. 리보플라빈 (비타민 B_2)는 구아노신-5'-트리포스페이트 (GTP) 및 리보스-5'-포스페이트로부터 합성된다. 그 다음, 상기 리보플라빈은 플라빈 모노뉴클레오티드 (FMN) 및 플라빈 아데닌 디뉴클레오티드 (FAD)의 합성에 사용된다. 총칭하여 "비타민 B_6"로 지칭되는 화합물 족 (예를 들어, 피리독신, 피리독사민, 피리독사-5'-포스페이트, 및 상업적으로 시판되는 피리독신 히드로클로라이드)은 모두 공통적인 구조 단위인 5-히드록시-6-메틸피리딘의 유도체이다. 판토테네이트 (판토텐산, (R)-(+)-N-(2,4-디히드록시-3,3-디메틸-1-옥소부틸)-β-알라닌)은 화학적인 합성 또는 발효에 의해 생성될 수 있다. 판토테네이트의 생합성의 최종 단계는 β-알라닌과 판토산의 ATP-유도 축합으로 구성된다. 판토산으로 전환하는 생합성 단계, β-알라닌으로 전환하는 생합성 단계 및 판토텐산으로의 축합에 관여하는 효소는 공지되어 있다. 판토테네이트의 대사 활성 형태는 조효소 A인데, 이 조효소 A를 위한 생합성은 5 단계 효소 반응으로 진행된다. 판토테네이트, 피리독살-5'-포스페이트, 시스테인 및 ATP는 조효소 A의 전구체이다. 이들 효소는 판토테네이트의 형성을 촉매할 뿐만 아니라 (R)-판토산, (R)-판토락톤, (R)-판테놀 (프로비타민 B_5), 판테테인 (및 그의 유도체), 및 조효소 A의 생성도 촉매한다.

[0043] 미생물에서 전구체 분자인 피멜로일-CoA로부터의 바이오틴 생합성 과정은 자세히 연구되어 있고, 이에 관련된 여러가지 유전자가 확인되어 있다. 상응하는 다수의 단백질이 Fe-클러스터 합성에도 관여하는 것으로 밝혀져 있고, 이들 단백질은 nifS 클래스 단백질의 구성원이다. 리포산은 옥탄산으로부터 유도되고, 에너지 대사에서 조효소로 작용하는데, 상기 리포산은 에너지 대사에서 피루베이트 데히드로게나제 복합체 및 α-케토글루타레이트 데히드로게나제 복합체의 일부가 된다. 폴레이트는 모두 엽산 유도체 물질의 군이고, 엽산은 L-글루탐산, p-아미노-벤조산 및 6-메틸프테린으로부터 유도된다. 대사 중간체인 구아노신-5'-트리포스페이트 (GTP), L-글루탐산 및 p-아미노-벤조산으로부터 출발하는, 엽산 및 그의 유도체의 생합성은 일부 미생물에서 상세히 연구되어 있다.

[0044] 코리노이드 (예를 들어, 코발라민 및 특히 비타민 B_{12}) 및 포르피린은 테트라피롤 고리계에 의해 특징지워지는 화학물질의 군에 속한다. 비타민 B_{12}의 생합성은 그 특징이 완전히 규명되어 있지는 않을 정도로 매우 복잡하지만, 이에 관련된 다수의 효소 및 기질이 현재 공지되어 있다. 니코틴산 (니코티네이트) 및 니코틴아미드는 "니

아신 (niacin)"으로도 지칭되는 피리딘 유도체이다. 니아신은 중요한 조효소인 NAD (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드), NADP (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드 포스페이트) 및 그들의 환원형 전구체이다.

[0045] 이들 화합물의 대규모 생산은, 비록 이들 화학물질 중 일부, 예를 들어 리보플라빈, 비타민 B_6, 판토테네이트 및 바이오틴이 미생물의 대규모 배양에 의해 생산되기는 하지만, 주로 무세포 화학 합성에 의존하고 있는 실정이다. 비타민 B_{12}만이 오직 발효에 의해 생성되는데, 이는 비타민 B_{12} 합성의 복잡성 때문이다. 시험관내 방법론은 상당한 재료 및 시간을 요하며, 종종 많은 비용이 소요된다.

[0046] *C. 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 및 뉴클레오티드의 대사 및 용도*

[0047] 퓨린 및 피리미딘 대사 유전자 및 이들의 상응하는 단백질은 종양 질환 및 바이러스 감염의 치료에 중요한 표적이다. 용어 "퓨린" 또는 "피리미딘"은 핵산, 조효소 및 뉴클레오티드의 구성 성분인 질소 함유 염기를 포함한다. 용어 "뉴클레오티드"는 질소 함유 염기, 오탄당 (RNA의 경우, 상기 당은 리보스이고, DNA의 경우, 상기 당은 D-데옥시리보스임) 및 인산으로 구성된, 핵산 분자의 기본 구조 단위를 포함한다. 용어 "뉴클레오시드"는 뉴클레오티드의 전구체로 작용하지만 뉴클레오티드가 갖는 인산 잔기가 없는 분자를 포함한다. 이들 분자의 생합성을 억제하거나 핵산 분자를 형성하기 위한 이들 분자의 동원(動員)을 억제함으로써, RNA 및 DNA 합성 억제가 가능하고, 암세포에 표적화시키는 방식으로 상기 활성을 억제하여 종양 세포의 분열 및 복제 능력을 억제할 수 있다. 또한, 핵산 분자를 형성하기 보다는 에너지 저장물 (즉, AMP) 또는 조효소 (즉, FAD 및 NAD)로 작용하는 뉴클레오티드도 있다.

[0048] 이들 화학물질이 퓨린 및(또는) 피리미딘 대사에 영향을 미침으로써 상기 의학적 증상에 사용될 수 있다는 것은 여러 가지 문헌에 기재되어 있다 (예를 들어, 문헌 [Christopherson, R.I. and Lyons, S.D. (1990) "Potent inhibitors of de novo pyrimidine and purine biosynthesis as chemotherapeutic agents." Med. Res. Reviews 10: 505-548]). 퓨린 및 피리미딘 대사에 관여하는 효소의 연구는 예를 들어, 면역억제제 또는 항증식제로 사용할 수 있는 신약의 개발에 초점을 두고 있다 (문헌 [Smith, J.L., (1995)"Enzymes in nucleotide synthesis." Curr. Opin. Struct. Biol. 5: 752-757, (1995) Biochem Soc. Transact. 23: 877-902]). 그러나, 퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오시드 및 뉴클레오티드는 여러 가지 정밀화학물질 (예를 들어, 티아민, S-아데노실-메티오닌, 폴레이트 또는 리보플라빈)의 생합성에 있어서 중간체로서의 용도, 세포를 위한 에너지 전달자 (예를 들어, ATP 또는 GTP)로서의 용도, 및 통상적으로 향 증진제 (예를 들어, IMP 또는 GMP)로 사용되는 화학물질 자체를 위한 용도 또는 여러 가지 의학 용도를 갖는다 (예를 들어, 문헌 [Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and Related Compounds in Biotechnology vol. 6, Rehm et al., eds. VCH: Weinheim, p.561-612] 참조). 또한, 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 또는 뉴클레오티드 대사에 관여하는 효소를 표적으로 사용하여 살진균제, 제초제 및 살충제를 비롯한, 농작물 보호용 화학물질을 개발하는 연구가 증가하고 있다.

[0049] 박테리아에서 이들 화합물 대사의 특징은 규명되어 있다 (이에 대한 검토는, 예를 들어 문헌 [Zalkin, H. and Dixon, J. E. (1992) "de novo purine nucleotide biosynthesis", in: Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology, vol. 42, Academic Press:, p.259-287], 및 문헌 [Michal, G. (1999) "Nucleotides and Nucleosides", Chapter 8 in: Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley: New York] 참조). 퓨린의 대사는 집중적인 연구의 대상이고, 세포의 정상적인 기능에 필수적이다. 고등 동물의 손상된 퓨린 대사는 통풍과 같은 심각한 질환을 초래할 수 있다. 퓨린 뉴클레오티드는 구아노신-5'-모노포스페이트 (GMP) 또는 아데노신-5'-모노포스페이트 (AMP)를 생성시키는 중간체 화합물인 이노신-5'-포스페이트 (IMP)를 통해 일련의 단계에서 리보스-5-포스페이트로부터 합성되고, 이들 GMP 또는 AMP로부터 뉴클레오티드로 사용되는 트리포스페이트가 용이하게 형성된다. 이들 화합물은 에너지 저장물로도 사용되므로, 이들의 분해는 세포에서 다수의 다양한 생합성 과정을 위한 에너지를 공급한다. 피리미딘 생합성은 리보스-5-포스페이트로부터의 유리딘-5'-모노포스페이트 (UMP)의 형성에 의해 진행된다. 그 다음, UMP가 시티딘-5'-트리포스페이트 (CTP)로 전환된다. 이들 모든 뉴클레오티드의 데옥시 형태는 뉴클레오티드의 디포스페이트 리보스 형태가 뉴클레오티드의 디포스페이트 데옥시리보스 형태로 전환되는 1 단계 환원 반응에서 생성된다. 인산화시, 이들 분자는 DNA 합성에 참여할 수 있다.

[0050] *D. 트레할로스의 대사 및 용도*

[0051] 트레할로스는 α,α-1,1 결합에 의해 결합된 2개의 글루코스 분자로 구성된다. 트레할로스는 감미료, 건조 또는 동결 식품용 첨가제를 위한 식품 산업, 및 음료 산업에 통상적으로 사용된다. 그러나, 제약, 화장품 및 생물공학 산업에도 사용된다 (예를 들어, 문헌 [Nishimoto et al., (1998) 미국 특허 제5,759,610호], 문헌

[Singer, M.A. and Lindquist, S. (1998) Trends Biotech. 16: 460-467], 문헌 [Paiva, C.L.A. and Panek, A.D. (1996) Biotech. Ann. Rev. 2: 293-314], 문헌 [Shiosaka, M. (1997) J. Japan 172: 97-10] 참조). 트레할로스는 다수의 미생물로부터 효소에 의해 생성되고 주변 배지내로 자연적으로 방출되는데, 트레할로스는 당업계에 공지된 방법을 이용하여 상기 배지로부터 수거할 수 있다.

[0052] II. 본 발명의 요소 및 방법

[0053] 본 발명은, 적어도 부분적으로는, 하나 이상의 세포내 대사 경로에서 기능하거나 역할을 발휘하는, 본원에서 MP 핵산 및 MP 단백질 분자로 언급되는 (표 1 참조) 새로운 분자의 발견을 기초로 한다. 한 실시양태에서, MP 분자는 아미노산 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로 중 하나 이상에 관여하는 효소 반응을 촉매한다. 바람직한 실시양태에서, 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로 중 하나 이상에서 본 발명의 MP 분자 (단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로 (예를 들어, 메티오닌 또는 리신 대사)에 관여하는 분자와 함께)의 활성은 이 생물에 의한 원하는 정밀화학물질의 생산에 영향을 미친다. 특히 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 MP 분자는, MP 단백질이 관여하는 코리네박테리움 글루타미쿰의 대사 경로가 생산성 또는 효율 면에서 조절되도록 그 활성을 조절하여, 코리네박테리움 글루타미쿰에 의한 원하는 정밀화학물질의 생산 효율 또는 생산성을 직접적 또는 간접적으로 조절한다. 바람직한 실시양태에서, 정밀화학물질은 아미노산, 예를 들어 리신 또는 메티오닌이다. 다른 바람직한 실시양태에서, MP 분자는 metZ, metC 및(또는) RXA00657 (표 1 참조)이다.

[0054] 용어 "MP 단백질" 또는 "MP 폴리펩티드"에는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로 중 하나 이상에서의 효소 반응을 촉매하는 등의 역할을 하는 단백질이 포함된다. MP 단백질의 예에는 표 1에 기재된 MP 유전자 및 홀수 서열 번호의 서열에 의해 코딩되는 것들이 포함된다. 용어 "MP 유전자" 또는 "MP 핵산 서열"에는 코딩 영역 및 이에 상응하는 비번역 5' 및 3' 서열 영역으로 구성된, MP 단백질을 코딩하는 핵산 서열이 포함된다. MP 유전자의 예로는 표 1에 기재된 것들이 포함된다. 용어 "생산" 또는 "생산성"은 당업계에서 인식되는 용어이며, 소정의 시간 및 소정의 발효 용적내에서 형성되는 발효 생성물 (예를 들어, 원하는 정밀화학물질)의 농도 (예를 들어, 1시간에 1리터 당 kg 생성물)가 포함된다. 용어 "생산 효율"에는 특정 생성물 농도를 달성하는데 요구되는 시간 (예를 들어, 세포가 특정 비율의 정밀화학물질 생성물을 얻는데 걸리는 시간)이 포함된다. 용어 "수율" 또는 "생성물/탄소 수율"은 당업계에서 인식되는 용어이며, 탄소 공급원의 생성물 (즉, 정밀화학물질)로의 전환 효율이 포함된다. 이 용어는 일반적으로는, 예를 들어 탄소 공급원 1 kg 당 생성물 kg으로 표기된다. 화합물의 수율 또는 생산율을 증대시킴으로써, 소정의 시간 동안 얻어지는 수득량의 배양물 중 이 화합물의 회수된 분자의 양 또는 유용한 분자의 양은 증가하게 된다. 용어 "생합성" 또는 "생합성 경로"는 당업계에서 인식되는 용어이고, 세포에 의한 중간체 화합물로부터의 화합물, 바람직하게는 유기 화합물의 합성을 포함하며, 다단계의 고도로 조절되는 과정일 수 있다. 용어 "분해" 또는 "분해 경로"는 당업계에서 인식되는 용어이고, 세포에 의한 화합물, 바람직하게는 유기 화합물의 분해 생성물 (일반적으로 말해서, 더 작거나 덜 복잡한 구조의 분자)로의 분해를 포함하며, 다단계의 고도로 조절되는 과정일 수 있다. 용어 "대사"는 당업계에서 인식되는 용어이고, 생물 내에서 발생하는 전체 생화학 반응을 포함한다. 이어서, 특정 화합물의 대사 (예를 들어, 글리신 등의 아미노산의 대사)에는 이러한 화합물과 관련되는 세포의 전체 생합성, 변형, 및 분해 경로가 포함된다.

[0055] 본 발명의 MP 분자는, 본 발명의 1종 이상의 MP 분자 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 1종 이상의 분자와 함께 사용되어 원하는 정밀화학물질의 수율을 증가시킬 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 정밀화학물질은 아미노산, 예를 들어 리신 또는 메티오닌이다. 별법으로 또는 부가적으로, 원하지 않는 부산물이 MP 분자 또는 다른 대사 분자 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌 대사에 관여하는 분자)와의 조합 또는 이들 분자의 붕괴에 의해 감소할 수 있다. 동일하거나 상이한 대사 경로의 다른 분자와 함께 사용되는 MP 분자는 뉴클레오티드 서열이 변화되고 상응하는 아미노산 서열이 변화되어 생리적 조건 하에서의 활성이 변할 수 있으며, 이로 인해 원하는 정밀화학물질의 생산성 및(또는) 수율이 증가하게 된다. 다른 실시양태에서, MP 분자 그 자체 또는 상기 설명한 변화된 형태는, 생리적 조건 하에서 활성이 변화되어 원하는 정밀화학물질 (예를 들어, 메티오닌 또는 리신과 같은 아미노산)의 생산성 및(또는) 수율이 증가하도록 뉴클레오티드 서열이 변화된, 동일하거나 상이한 대사 경로의 다른 분자와 함께 사용될 수 있다.

[0056] 다른 실시양태에서, 본 발명의 MP 분자는 단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 1종 이상의 분자와 함께 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물에서 정밀화학물질 등의 원하는 분자의 생산을 조절할 수 있다. 재조합 유전자 기술을 이용하여, 아미노산 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌), 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클

레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스에 관한 본 발명의 생합성 또는 분해 효소 1종 이상을 조작함으로써, 그 기능을 조절할 수 있다. 예를 들면, 생합성 효소의 효율을 개선시키거나, 이 효소의 알로스테릭 제어 영역을 파괴하여 화합물 생산의 피드백 억제가 저해되도록 할 수 있다. 유사하게, 치환, 결실, 또는 부가에 의해 분해 효소를 결실시키거나 변형시켜, 세포의 생존력을 손상시키지 않고 원하는 화합물에 대한 그의 분해 활성이 감소되게 할 수 있다. 각 경우에서, 원하는 정밀화학물질 중 하나의 생산에 대한 전반적인 생산 속도 또는 수율이 증가될 수 있다.

[0057] 또한, 본 발명의 단백질 및 핵산 분자에서의 이러한 변화는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 및 트레할로스의 생산 이외에, 다른 정밀화학물질의 생산도 개선시킬 수 있다. 임의의 화합물 대사는 세포내 다른 생합성 및 분해 경로와 반드시 얽혀있고, 한 경로에 필요한 보조인자, 중간체 또는 기질은 그러한 다른 경로에 의해 공급되거나 제한되는 것으로 보인다. 그러므로, 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성을 조절하여, 다른 정밀화학적 생합성 또는 분해 경로의 활성 효율 또는 생산성에 영향을 미칠 수 있다. 예를 들어, 아미노산은 모든 단백질의 구조 단위로 기능하지만, 세포내에서는 단백질 합성을 제한하는 수준으로 존재한다; 그러므로, 세포내에서 아미노산 1종 이상의 생산 효율 또는 수율을 증가시켜, 생합성 단백질 또는 분해 단백질 등의 단백질이 더욱 쉽게 합성되도록 할 수 있다. 유사하게, 대사 경로 효소의 변화로 특정 부반응이 더욱 또는 덜 일어나게 되어, 원하는 정밀화학물질의 생성에 중간체 또는 기질로 이용되는 화합물 1종 이상의 과잉생산 또는 생산부족을 초래할 수 있다.

[0058] 본 발명의 단리된 핵산 서열은 명칭이 ATCC 13032로 부여된, 아메리칸 타입 컬쳐 콜렉션에서 분양받을 수 있는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주의 게놈내에 포함되어 있다. 단리된 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA의 뉴클레오티드 서열 및 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질의 예상 아미노산 서열은 각각 서열목록에서 홀수 서열 번호 및 짝수 서열 번호로 나타내었다. 이러한 뉴클레오티드 서열을, 대사 경로 단백질 (예를 들어, 메티오닌 또는 리신 대사 경로에 관여하는 단백질)을 코딩하는 서열로서 분류 및(또는) 확인하는 컴퓨터 분석을 수행하였다.

[0059] 본 발명은 또한 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질에 관한 것이다. 본원에 사용된 바와 같이, 선택된 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은, 선택된 아미노산, 예를 들어 선택된 전체 아미노산 서열에 대해 약 50% 이상의 상동성이 있다. 선택된 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은, 선택된 아미노산 서열에 대해 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있다.

[0060] 본 발명의 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부 또는 단편은 단독으로, 또는 동일하거나 상이한 대사 경로의 1종 이상의 단백질과 함께 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로 중 하나 이상의 효소 반응을 촉매하거나, 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상 (예를 들어, 메티오닌 또는 리신 생합성의 대사)을 가질 수 있다.

[0061] 본 발명의 다양한 측면은 하기 서브섹션에 보다 상세히 기재되어 있다.

[0062] *A. 단리된 핵산 분자*

[0063] 본 발명의 한 측면은 MP 폴리펩티드 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩하는 단리된 핵산 분자뿐 아니라 MP-코딩 핵산 (예를 들어, MP DNA)의 확인 또는 증폭을 위한 혼성화 프로브 또는 프라이머로 사용하기에 충분한 핵산 단편에 관한 것이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "핵산 분자"는 DNA 분자 (예를 들어, cDNA 또는 게놈 DNA), RNA 분자 (예를 들어, mRNA), 및 뉴클레오티드 유사체를 사용하여 생성되는 DNA 또는 RNA 유사체를 포함하는 의미이다. 이 용어에는 또한 유전자의 코딩 영역의 3' 및 5' 말단의 둘 다에 위치하는 비번역 서열, 코딩 영역의 5' 말단으로부터 상류의 약 100개 이상의 뉴클레오티드 서열, 및 이 유전자의 코딩 영역의 3' 말단으로부터 하류의 약 20개 이상의 뉴클레오티드 서열이 포함된다. 핵산 분자는 단일 가닥 또는 이중 가닥일 수 있으며, 바람직하게는 이중 가닥 DNA이다. "단리된" 핵산 분자는 핵산의 천연 공급원에 존재하는 다른 핵산 분자로부터 분리된 것이다. 바람직하게는, "단리된" 핵산은 이 핵산이 유도되는 생물의 게놈 DNA에서 본래 핵산에 인접해 있는 서열 (즉, 핵산의 5' 및 3' 말단에 위치하는 서열)을 가지고 있지 않다. 예를 들어, 다양한 실시양태에서, 단리된 MP 핵산 분자는 이 핵산이 유도되는 세포 (예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰 세포)

의 게놈 DNA에서 본래 핵산 분자에 인접해 있는 약 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0.5 kb 또는 0.1 kb 보다 작은 크기의 뉴클레오티드 서열을 포함할 수 있다. 또한, "단리된" 핵산 분자, 예를 들어 DNA 분자는, 재조합 기술에 의해 생산되는 경우 다른 세포 물질 또는 배양 배지, 또는 화학적으로 합성되는 경우 화학물질 전구체 또는 다른 화학물질을 실질적으로 함유하지 않는다.

[0064] 표준 분자 생물학 기술 및 본원에 제공되는 서열 정보를 이용하여, 본 발명의 핵산 분자, 예를 들어 서열목록에서 홀수 서열 번호의 뉴클레오티드 서열을 갖는 핵산 분자 또는 그의 일부를 단리할 수 있다. 예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 하나의 전부 또는 일부를 혼성화 프로브로 사용하고 표준 혼성화 기술 (예를 들어, 문헌 [Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Maniatis T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989]에 기재된 바와 같은 혼성화 기술)을 이용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 라이브러리로부터 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA를 단리할 수 있다. 더욱이, 본 발명의 핵산 서열 (예를 들어, 이와 동일한 서열을 기초로 하여 고안된 올리고뉴클레오티드 프라이머를 사용하는 중합효소 연쇄반응에 의해 본 발명의 핵산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 전부 또는 일부를 포함하는 핵산 분자를 단리할 수 있음)을 기초로 하여 고안된 올리고뉴클레오티드 프라이머를 사용하는 중합효소 연쇄반응에 의해 본 발명의 핵산 서열 (예를 들어, 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 전부 또는 일부를 포함하는 핵산 분자를 단리할 수 있다. 예를 들어, mRNA는 정상 내피세포로부터 (예를 들어, 문헌 [Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299]의 구아니디늄-티오시아네이트 추출 방법에 의해) 단리할 수 있고, DNA는 역전사효소 (예를 들어, 미국 메릴랜드주 베테스다 소재의 Gibco/BRL로부터 입수가능한 몰로네이 (Moloney) MLV 역전사효소, 또는 미국 플로리다주 세인트 페터스버그에 소재한 세이까가꾸 아메리카, 인크. (Seikagaku America, Inc.)로부터 입수가능한 AMV 역전사효소)를 사용하여 제조할 수 있다. 서열목록에 기재된 뉴클레오티드 서열 중 하나를 기초로 하여 중합효소 연쇄반응 증폭을 위한 합성 올리고뉴클레오티드 프라이머를 고안할 수 있다. 본 발명의 핵산은 cDNA 또는, 별법으로, 게놈 DNA를 주형으로 사용하고 표준 PCR 증폭 기술에 따라 적절한 올리고뉴클레오티드 프라이머를 사용하여 증폭시킬 수 있다. 이와 같이 증폭된 핵산을 적절한 벡터내에 클로닝하고 DNA 서열 분석에 의해 특성화할 수 있다. 또한, MP 뉴클레오티드 서열에 상응하는 올리고뉴클레오티드는 표준 합성 기술, 예를 들어 자동 DNA 합성기를 사용하여 제조할 수 있다.

[0065] 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열목록에 기재된 뉴클레오티드 서열 중 하나를 포함한다. 서열목록에 기재된 바와 같은 본 발명의 핵산 서열은 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA에 상응한다. 이 DNA는 MP 단백질을 코딩하는 서열 (즉, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열에 나타낸 "코딩 영역") 뿐 아니라 서열목록에서 각 홀수 서열 번호의 서열에 나타낸 5' 비번역 서열 및 3' 비번역 서열도 포함한다. 또는, 핵산 분자는 서열목록의 핵산 서열 중 어떤 코딩 영역만을 포함할 수도 있다.

[0066] 본 출원의 목적을 위해, 서열목록에 기재된 핵산 및 아미노산 서열을 "RXA", "RXN", "RXS" 또는 "RXC" 뒤에 5개의 숫자가 있는, 식별용 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 수 (즉, RXA, RXN, RXS 또는 RXC)로 표시한 것을 이해할 것이다. 핵산 서열 각각은 세 부분, 즉 5' 상류 영역, 코딩 영역 및 하류 영역으로 구성되어 있다. 이들 세 영역 각각은 동일한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시로 식별하여 혼란을 방지하였다. "서열목록에서 홀수 서열 번호 중 하나"란, 서열목록의 핵산 서열 중 어느 하나를 말하며, 이들은 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시가 달라 구별될 수도 있다. 이 서열 각각의 코딩 영역은 또한 서열목록에서 짝수 서열 번호로 기재되어 있는 상응 아미노산 (상응 핵산 서열 바로 다음에 기재되어 있음)으로 번역된다. 예를 들어, RXA00115에 대한 코딩 영역은 서열 69에 기재되어 있으며, 이것이 코딩하는 아미노산 서열은 서열 70에 기재되어 있다. 본 발명의 핵산 분자의 서열은, 이들이 쉽게 상호관련될 수 있도록, 이들이 코딩하는 아미노산 분자로서 동일한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시에 의해 식별된다. 예를 들어, RXA00115, RXN00403 및 RXS03158로 표시된 아미노산 서열은 각각 핵산 분자 RXA00115, RXN00403 및 RXS03158의 뉴클레오티드 서열의 코딩 영역이 번역된 것이다. 본 발명의 RXA, RXN, RXS 및 RXC 뉴클레오티드 및 아미노산 서열과 이들의 배정된 서열 번호 사이의 상응 관계는 표 1에 기재되어 있다.

[0067] 본 발명의 유전자들 중 몇몇은 "F-표시 유전자"이다. F-표시 유전자는 표 1에 기재된 유전자들을 포함하며, 이들은 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시 앞에 'F'를 갖는다. 예를 들어, 표 1에 나타낸 바와 같이, "F RXA00254"로 표시된 서열 77은 F-표시 유전자이다.

[0068] 또한, 표 1에는 *metZ* (또는 *metY*) 및 *metC* 유전자 (각각 서열 1 및 서열 3으로 표시됨)가 각각 기재되어 있다. *metZ* 및 *metC* 유전자에 의해 코딩되는 상응 아미노산 서열은 각각 서열 2 및 서열 4로 표시되어 있다.

[0069] 한 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 표 2에 기재된 것들을 포함하지 않는다.

[0070] 바람직한 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 상보체인 핵산 분자 또는 그의 일부를 포함한다. 본 발명에 나타낸 뉴클레오티드 서열 중 하나에 대해 상보적인 핵산 분자는 서열목록에 나타낸 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나에 대해 충분히 상보적인 것이어서, 이는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 중 하나와 혼성화됨으로써 안정한 이중체 (duplex)를 형성한다.

[0071] 바람직한 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 한 서열)과 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열, 또는 그의 일부를 포함한다. 상기 언급된 범위에 대해 중간값인 동일성 값 및 범위 (예를 들어, 70 내지 90% 동일성 또는 80 내지 95% 동일성)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 상한치 및(또는) 하한치의 조합으로 사용한 동일성 값의 범위는 본 발명에 포함된다. 추가의 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는, 예를 들어 엄격 조건 하에서 본 발명의 뉴클레오티드 서열 중 하나 또는 그의 일부와 혼성화되는 뉴클레오티드 서열을 포함한다.

[0072] 또한, 본 발명의 핵산 분자는 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 한 서열의 코딩 영역의 일부만을 포함할 수도 있는데, 예를 들면 프로브 또는 프라이머로 사용될 수 있는 단편 또는 MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 단편을 포함할 수 있다. 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 MP 유전자의 클로닝으로부터 결정되는 뉴클레오티드 서열을 이용하여 다른 유형의 세포 및 생물에서의 MP 상동체 뿐 아니라 다른 코리네박테리아 또는 관련 종으로부터의 MP 상동체 확인 및(또는) 클로닝에 사용하기 위한 프로브 및 프라이머를 고안할 수 있다. 통상적으로, 프로브/프라이머는 실질적으로 정제된 올리고뉴클레오티드를 포함한다. 올리고뉴클레오티드는 통상적으로 엄격 조건 하에서 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 하나) 중 하나의 센스 가닥, 이들 서열들 중 하나의 안티센스 서열, 또는 자연 발생적인 그의 돌연변이체의 약 12개 이상, 바람직하게는 약 25개, 더욱 바람직하게는 약 40, 50 또는 75개 이상의 연속된 뉴클레오티드와 혼성화되는 뉴클레오티드 서열 영역을 포함한다. 본 발명의 뉴클레오티드 서열을 기초로 한 프라이머는 MP 상동체를 클로닝하기 위한 PCR 반응에서 사용될 수 있다. MP 뉴클레오티드 서열을 기초로 한 프로브를 사용하여 동일하거나 상동성인 단백질을 코딩하는 전사체 또는 게놈 서열을 검출할 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 프로브는 그에 부착되는 표지 기 (label group)를 추가로 포함하며, 예를 들어 표지 기는 방사성동위원소, 형광성 화합물, 효소 또는 효소 보조인자일 수 있다. 이러한 프로브는, 예를 들어 대상체로부터의 세포 샘플 중 MP-코딩 핵산 수준을 측정함으로써, 예를 들어 MP mRNA 수준을 검출하거나, 게놈 MP 유전자가 변이되었는지 또는 결실되었는지를 결정함으로써, MP 단백질을 잘못 발현시키는 세포를 확인하기 위한 진단용 시험 킷트의 일부로 사용될 수 있다.

[0073] 한 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 충분히 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 또는 그의 일부를 코딩하며, 이 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매하는 능력을 유지한다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "충분히 상동성이 있는"이란, 본 발명의 아미노산 서열에 대해 동일 또는 동등한 최소 수의 아미노산 잔기 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 중 하나의 서열에 있는 어떤 한 아미노산 잔기와 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기)를 포함하는 아미노산 서열을 갖는 단백질 또는 그의 일부를 의미하며, 이 단백질 또는 그의 일부는 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있다. 이러한 대사 경로의 단백질 구성원은, 본원에 기재된 바와 같이, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 중 하나 이상의 생합성 또는 분해를 촉매하는 기능을 한다. 이러한 활성의 예는 또한 본원에 기재되어 있다. 따라서, "MP 단백질의 기능"은 1종 이상의 상기 대사 경로의 전반적인 기능 발휘에 기여하고, 1종 이상의 정밀화학물질의 생산 수율, 생산성 및(또는) 생산 효율에 직접 또는 간접적으로 기여한다. MP 단백질 활성의 예는 표 1에 기재되어 있다.

[0074] 다른 실시양태에서, 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61

%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있다.

[0075] 본 발명의 MP 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질의 일부는 바람직하게는 MP 단백질 중 하나의 생물학적으로 활성인 일부이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부"는 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로 중 하나 이상의 효소 반응을 촉매하거나, 표 1에 기재된 바와 같은 활성을 갖는 MP 단백질의 일부, 예를 들어 그의 도메인/모티프를 포함한다. MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부가 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매하는지를 결정하기 위해, 효소 활성 분석법을 수행할 수 있다. 이러한 분석 방법은 당업자에게 공지되어 있으며, 실시예 8에 상세히 기재되어 있다.

[0076] MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 다른 핵산 단편은 MP 단백질 또는 펩티드의 코딩 부분을 발현시키는 (예를 들어, 시험관내에서 재조합 발현시킴으로써) 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열) 중 하나의 일부를 단리하고, MP 단백질 또는 펩티드의 코딩되는 부분의 활성을 평가함으로써 제조할 수 있다.

[0077] 본 발명은, 본 발명에 나타낸 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나와 상이하지만 유전자 코드의 축퇴성으로 인해 본 발명의 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 것과 동일한 MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자 (및 그의 일부)를 포함한다. 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열목록에 나타낸 아미노산 서열 (예를 들어, 짝수 서열 번호의 서열)을 갖는 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 갖는다. 다른 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 본 발명의 아미노산 서열 (서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열에 나타낸 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성인 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질을 코딩한다.

[0078] 당업자라면, 한 실시양태에서 본 발명의 서열이 본 발명의 이전에 이용가능했던, 표 2에 기재된 젠뱅크 (Genbank) 서열과 같은 선행 기술의 서열을 포함하는 것이 아님을 알 것이다. 한 실시양태에서, 본 발명은 선행 기술의 서열 (예를 들어, 표 2에 기재된 젠뱅크 서열 (또는 이러한 서열에 의해 코딩되는 단백질))보다 더 큰 본 발명의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 동일성(%)을 갖는 뉴클레오티드 서열 및 아미노산 서열을 포함한다. 예를 들어, 본 발명은 RXA00657 (서열 5)로 표시되는 뉴클레오티드 서열보다 더 크고(거나) 그와 45% 이상의 동일성을 갖는 뉴클레오티드 서열이 포함된다. 당업자라면, 주어진 서열에 대한 3개의 최고 히트 각각에 대해 표 4에 나타낸 GAP-계산된 동일성(%) 점수를 조사하고, GAP-계산된 가장 높은 동일성(%)를 100에서 차감하여 본 발명의 임의 주어진 서열에 대한 동일성(%)의 하한 역치를 계산할 수 있을 것이다. 당업자라면 또한 이렇게 계산된 하한 역치보다 더 큰 동일성(%) (예를 들어, 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 동일성)을 갖는 핵산 서열 및 아미노산 서열이 본 발명에 포함됨을 알 것이다.

[0079] 당업자라면, 서열목록에서 홀수 서열 번호로 기재된 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 뉴클레오티드 서열 이외에도, MP 단백질의 아미노산 서열에서의 변화를 초래하는 DNA 서열의 다형성이 집단 (예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰 집단)내에 존재할 수 있음을 알 것이다. MP 유전자에 있어서의 이러한 유전적 다형성은 천연 변이로 인해 집단내의 개체들 사이에 존재할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "유전자" 및 "재조합 유전자"는 MP 단백질, 바람직하게는 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질을 코딩하는 오픈 리딩 프레임을 포함하는 핵산 분자를 지칭한다. 이러한 천연 변이는 통상적으로는 MP 유전자의 뉴클레오티드 서열을 1 내지 5% 변화시킨다. 천연 변이의 결과이며 MP 단백질의 기능적 활성을 변화시키지 않는, 임의 및 모든 이러한 뉴클레오티드 변화 및 그에 따라 나타난 MP에서의 아미노산 다형성은 본 발명의 범위 내에 있는 것으로 한다.

[0080] 천연 변이체 및 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA의 비-코리네박테리움 글루타미쿰 상동체에 상응하는 핵산 분자는, 본원에 개시된 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 핵산에 대한 이들의 상동성에 기초하여, 엄격 혼성화 조건 하에서 표준 혼성화 기술에 따라 혼성화 프로브로서 코리네박테리움 글루타미쿰 DNA 또는 그의 일부

를 사용하여 단리할 수 있다. 따라서, 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자의 길이는 뉴클레오티드 15개 이상이며, 엄격 조건 하에서 서열목록에서 홀수 서열 번호의 뉴클레오티드 서열을 포함하는 핵산 분자와 혼성화된다. 다른 실시양태에서, 핵산의 길이는 뉴클레오티드 30개, 50개, 100개 또는 250개 이상이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "엄격 조건 하에서 혼성화되는"은 서로에 대해 통상적으로 60% 이상 상동성인 뉴클레오티드 서열이 서로와 혼성화된 채로 남아 있는 혼성화 조건 및 세척 조건을 설명하려는 것이다. 바람직하게는, 이 조건은 서로에 대해 통상적으로 약 65% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 75% 이상 상동성인 서열이 서로에 대해 혼성화된 채로 남아 있는 조건이다. 이러한 엄격 조건은 당업자에게 공지되어 있으며, 문헌 [Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6]에서 찾을 수 있다. 엄격 혼성화 조건의 바람직한 예로는 약 45 ℃에서 6 ×염화나트륨/시트르산나트륨 (SSC) 중의 혼성화 및 그 후에 50 내지 65 ℃에서 0.2 ×SSC, 0.1% SDS 중에서의 1회 이상 세척이 있으나, 이에 제한되지 않는다. 바람직하게는, 엄격 조건 하에 본 발명의 뉴클레오티드 서열과 혼성화되는 본 발명의 단리된 핵산 분자는 자연 발생적인 핵산 분자에 상응한다. 본원에 사용된 바와 같이, "자연 발생적인" 핵산 분자는 자연에 존재하는 (예를 들어, 천연 단백질을 코딩하는) 뉴클레오티드 서열을 갖는 RNA 또는 DNA 분자를 의미한다. 한 실시양태에서, 핵산은 천연 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질을 코딩한다.

[0081] 또한, 당업자라면 집단내에 존재할 수 있는 MP 서열의 자연 발생적인 변이체 뿐 아니라, 본 발명의 뉴클레오티드 서열 내에 돌연변이에 의한 변화를 도입함으로써, MP 단백질의 기능 변화없이 코딩된 MP 단백질의 아미노산 서열을 변화시킬 수 있음을 알 것이다. 예를 들어, "비필수" 아미노산 잔기에서 아미노산 치환을 일으키는 뉴클레오티드 치환이 본 발명의 뉴클레오티드 서열에서 일어날 수 있다. "비필수" 아미노산 잔기는 상기 MP 단백질의 활성을 변화시키지 않으면서 MP 단백질 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열) 중 하나의 야생형 서열로부터 변화될 수 있는 잔기인 반면, "필수" 아미노산 잔기는 MP 단백질 활성에 필요하다. 그러나, 다른 아미노산 잔기 (예를 들어, MP 활성을 갖는 도메인에서 보존되지 않거나, 반보존된 잔기)는 활성에 필수적이지 않을 수도 있어서, MP 활성의 변화없이 변할 수 있다.

[0082] 따라서, 본 발명의 다른 측면은 MP 활성에 필수적이지 않은 아미노산 잔기에서의 변화를 포함하는 MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자에 관한 것이다. 이러한 MP 단백질은 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열로부터의 아미노산 서열이 다르며, 본원에 기재된 MP 활성 중 적어도 하나를 보유한다. 한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는, 본 발명의 아미노산 서열과 약 50% 이상 상동성인 아미노산 서열을 포함하며, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 바와 같은 활성을 1가지 이상 갖는 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 바람직하게는, 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 중 하나에 대해 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있다.

[0083] 2개의 아미노산 서열 (예를 들어, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나 및 그의 돌연변이체 형태) 또는 2개의 핵산 서열의 상동성(%)을 결정하기 위해, 최적의 비교 목적에 맞게 서열들을 정렬시킨다 (예를 들어, 다른 단백질 또는 핵산과의 최적의 정렬을 위해 하나의 단백질 또는 핵산의 서열내에 갭을 도입시킬 수 있음). 이어서, 아미노산 위치 또는 뉴클레오티드 위치에 상응하는 아미노산 잔기 또는 뉴클레오티드를 비교한다. 한 서열 (예를 들어, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나)내의 위치가 다른 서열 (예를 들어, 아미노산 서열의 돌연변이체 형태)내의 상응하는 위치와 동일한 아미노산 잔기 또는 뉴클레오티드에 의해 점유되는 경우, 분자는 그 위치에서 상동성이 있는 것이다 (즉, 본원에 사용된 바와 같이, 아미노산 또는 핵산의 "상동성"은 아미노산 또는 핵산의 "동일성"과 동등한 의미임). 2개 서열 사이의 상동성(%)은 서열들에 의해 공유되는 동일한 위치의 개수에 대한 함수이다 (즉, 상동성(%) = 동일한 위치의 개수/위치의 총 개수 ×100).

[0084] 코딩되는 단백질내에 하나 이상의 아미노산의 치환, 부가 또는 결실이 도입되도록 본 발명의 뉴클레오티드 서열내에 하나 이상의 뉴클레오티드의 치환, 부가 또는 결실을 도입시킴으로써, 본 발명의 단백질 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 상동성인 MP 단백질을 코딩하는 단리된 핵산 분자를 생성시킬 수 있다. 위치 지정 돌연변이유발법 및 PCR-매개 돌연변이유발법과 같은 표준 기술에 의해 본 발명의 뉴클레오티드 서열들 중 하나에 돌연변이를 도입할 수 있다. 바람직하게는, 예상되는 하나 이상의 비필수 아미노산 잔기에서 보존된 아미노산 치환을 수행할 수 있다. "보존된 아미노산 치환"이란 아미노산 잔기가 유사한 측쇄를 갖는 아미

노산 잔기로 대체되는 것을 말한다. 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기의 군은 당업계에 정의되어 있다. 이러한 군에는 염기성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 리신, 아르기닌, 히스티딘), 산성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 아스파라긴산, 글루탐산), 비하전된 극성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 글리신, 아스파라긴, 글루타민, 세린, 트레오닌, 티로신, 시스테인), 비극성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 알라닌, 발린, 루이신, 이소루이신, 프롤린, 페닐알라닌, 메티오닌, 트립토판), β-분지 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 트레오닌, 발린, 이소루이신) 및 방향족 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 티로신, 페닐알라닌, 트립토판, 히스티딘)이 포함된다. 따라서, MP 단백질에서 예상되는 비필수 아미노산 잔기는 바람직하게는 동일한 측쇄 군으로부터의 다른 아미노산 잔기로 치환된다. 별법으로, 다른 실시양태에서 포화 돌연변이유발법 등에 의해 MP 코딩 서열의 전부 또는 일부를 따라 무작위적으로 돌연변이를 도입할 수 있으며, MP 활성을 보유하는 돌연변이체를 확인하기 위해, 생성된 돌연변이체를 본원에 기재된 MP 활성에 대하여 스크리닝 할 수 있다. 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열들 중 한 뉴클레오티드 서열을 돌연변이유발시킨 다음, 코딩된 단백질을 재조합적으로 발현시킬 수 있고, 예를 들어 본원에 기재된 분석법을 이용하여 단백질의 활성을 측정할 수 있다 (실시예 8 참조).

[0085] 상기 기재된 MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자 이외에도, 본 발명의 다른 측면은 그와 안티센스인 단리된 핵산 분자에 관한 것이다. "안티센스" 핵산은 단백질을 코딩하는 "센스" 핵산에 상보적인 뉴클레오티드 서열을 포함하며, 예를 들어 이중 가닥 DNA 분자의 코딩 가닥에 대해 상보적이거나 mRNA 서열에 대해 상보적인 뉴클레오티드 서열 등이 있다. 따라서, 안티센스 핵산은 센스 핵산과 수소 결합할 수 있다. 안티센스 핵산은 전체 MP 코딩 가닥과 또는 그의 일부에만 상보적일 수 있다. 한 실시양태에서, 안티센스 핵산 분자는 MP 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열의 코딩 가닥의 "코딩 영역"에 대해 안티센스이다. 용어 "코딩 영역"은 아미노산 잔기로 번역되는 코돈을 포함하는 뉴클레오티드 서열의 영역 (예를 들어, 서열 1 (*metZ*)의 전체 코딩 영역은 뉴클레오티드 363에서 1673을 포함함)을 의미한다. 다른 실시양태에서, 안티센스 핵산 분자는 MP를 코딩하는 뉴클레오티드 서열의 코딩 가닥의 "비코딩 영역"에 대해 안티센스이다. 용어 "비코딩 영역"은 아미노산으로 번역되지 않는, 코딩 영역의 양측에 있는 5' 및 3' 서열 (즉, 5' 및 3' 비번역 영역이라고도 함)을 의미한다.

[0086] 본원에 개시된 MP를 코딩하는 코딩 가닥 서열 (예를 들어, 이 서열은 서열목록에서 홀수 서열 번호로 기재되어 있음)을 기초로 하여, 왓슨 (Watson)과 크릭 (Crick)의 염기쌍 규칙에 따라 본 발명의 안티센스 핵산을 고안할 수 있다. 이 안티센스 핵산 분자는 MP mRNA의 전체 코딩 영역에 대해 상보적일 수 있지만, 더욱 바람직하게는 MP mRNA의 코딩 또는 비코딩 영역의 일부에만 안티센스인 올리고뉴클레오티드이다. 예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오티드는 MP mRNA의 번역 개시 부위 주변의 영역에 대해 상보적일 수 있다. 안티센스 올리고뉴클레오티드의 길이는 예를 들어, 뉴클레오티드 약 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 또는 50개이다. 본 발명의 안티센스 핵산은 당업계에 공지된 방법을 이용하는 화학적 합성법 및 효소적 라이게이션 반응법을 이용하여 제작할 수 있다. 예를 들어, 자연 발생적인 뉴클레오티드, 또는 분자의 생물학적 안정성을 증가시키거나, 안티센스와 센스 핵산 사이에 형성된 이중 가닥의 물리적인 안정성을 증가시키기 위해 고안된 다양하게 변형된 뉴클레오티드를 사용하여 (예를 들어, 포스포로티오에이트 유도체 및 아크리딘 치환된 뉴클레오티드가 사용될 수 있음), 안티센스 핵산 (예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오티드)을 화학적으로 합성할 수 있다. 안티센스 핵산을 생성하는 데 사용될 수 있는 변형된 뉴클레오티드의 예로는 5-플루오로우라실, 5-브로모우라실, 5-클로로우라실, 5-요오도우라실, 히포크산틴, 크산틴, 4-아세틸시토신, 5-(카르복시히드록실메틸)우라실, 5-카르복시메틸아미노메틸-2-티오우리딘, 5-카르복시메틸아미노메틸우라실, 디히드로우라실, 베타-D-갈락토실퀘오신, 이노신, N6-이소펜테닐아데닌, 1-메틸구아닌, 1-메틸이노신, 2,2-디메틸구아닌, 2-메틸아데닌, 2-메틸구아닌, 3-메틸시토신, 5-메틸시토신, N6-아데닌, 7-메틸구아닌, 5-메틸아미노메틸우라실, 5-메톡시아미노메틸-2-티오우라실, 베타-D-만노실퀘오신, 5'-메톡시카르복시메틸우라실, 5-메톡시우라실, 2-메틸티오-N6-이소펜테닐아데닌, 우라실-5-옥시아세트산(v), 와이부톡소신 (wybutoxosine), 슈도우라실 (pseudouracil), 퀘오신, 2-티오시토신, 5-메틸-2-티오우라실, 2-티오우라실, 4-티오우라실, 5-메틸우라실, 우라실-5-옥시아세트산 메틸에스테르, 우라실-5-옥시아세트산(v), 5-메틸-2-티오우라실, 3-(3-아미노-3-N-2-카르복시프로필)우라실, (acp3)w 및 2,6-디아미노퓨린이 포함된다. 또는, 핵산이 안티센스 방향으로 서브클로닝된 발현 벡터 (즉, 삽입된 핵산으로부터 전사되는 RNA는 원하는 표적 핵산에 대해 안티센스 방향임. 하기 서브섹션에 추가로 설명되어 있음)를 사용하여 안티센스 핵산을 생물학적으로 생성시킬 수 있다.

[0087] 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 통상적으로 세포에 투여되거나 이들이 MP 단백질을 코딩하는 세포내 mRNA 및 (또는) 게놈 DNA와 혼성화되거나 결합하도록 계내 생성되어, 전사 및(또는) 번역 억제 등과 같이 단백질의 발현을 억제한다. 혼성화는 안정한 이중체를 형성하는 통상의 뉴클레오티드 상보성에 의한 것이거나, 예를 들어 이중 나선의 메이저 그루브에서 특이적 상호작용을 통해 DNA 이중 나선과 결합하는 안티센스 핵산 분자의 경우에 의한 것일 수 있다. 안티센스 분자는, 예를 들어 안티센스 핵산 분자를 세포 표면의 수용체 또는 항원과 결합

하는 펩티드 또는 항체에 연결시킴으로써, 그가 선택된 세포 표면에서 발현되는 수용체 또는 항원과 특이적으로 결합하도록 변형시킬 수 있다. 또한, 본원에 기재된 벡터를 사용하여 안티센스 핵산 분자를 세포에 전달시킬 수도 있다. 안티센스 분자의 충분한 세포내 농도를 달성하기 위해서는, 안티센스 핵산 분자가 강력한 원핵세포, 바이러스 또는 진핵세포 프로모터의 조절을 받는 벡터 구조물인 것이 바람직하다.

[0088] 다른 실시양태에서, 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 α-아노머 핵산 분자이다. α-아노머 핵산 분자는 상보적 RNA와 특이적 이중 가닥 하이브리드를 형성하며, 이 때 통상의 β-유닛과는 대조적으로, 가닥들은 서로에 대해 평행한 상태로 있다 (문헌 [Gaultier et al. (1987) Nucleic Acids. Res. 15:6625-6641]). 안티센스 핵산 분자는 2'-o-메틸리보뉴클레오티드 (문헌 [Inoue et al. (1987) Nucleic Acids Res. 15:6131-6148]) 또는 키메라 RNA-DNA 유사체 (문헌 [Inoue et al. (1987) FEBS Lett. 215:327-330])를 포함할 수도 있다.

[0089] 다른 실시양태에서, 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 리보자임이다. 리보자임은 리보뉴클레아제 활성을 갖는 촉매성 RNA 분자이며, 그와 상보적 영역을 갖는 mRNA 등의 단일 가닥 핵산을 절단할 수 있다. 따라서, 리보자임 (예를 들어, 햄머헤드 (hammerhead) 리보자임 (문헌 [Haselhoff and Gerlach (1988) Nature 334:585-591]에 기재되어 있음))을 사용하여 MP mRNA 전사체를 촉매적으로 절단함으로써 MP mRNA의 번역을 억제할 수 있다. 본원에 개시된 MP DNA의 뉴클레오티드 서열 (즉, 서열 1 (*metZ*))을 기초로 하여 MP-코딩 핵산에 대해 특이성을 갖는 리보자임을 고안할 수 있다. 예를 들어, 테트라히메나 (Tetrahymena) L-19 IVS RNA의 유도체를 제작할 수 있으며, 여기서 활성 부위의 뉴클레오티드 서열은 MP-코딩 mRNA에서 절단되는 뉴클레오티드 서열에 대해 상보적이다 (예를 들어, 세치 (Cech) 등의 미국 특허 제4,987,071호 및 세치 (Cech) 등의 미국 특허 제5,116,742호 참조). 또는, MP mRNA를 사용하여 RNA 분자의 풀로부터 특정 리보뉴클레아제 활성을 갖는 촉매성 RNA를 선별해낼 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Bartel, D. and Szostak, J.W. (1993) Science 261:1411-1418] 참조).

[0090] 별법으로, MP 뉴클레오티드 서열의 조절 영역 (예를 들어, MP 프로모터 및(또는) 인핸서)에 대해 상보적인 뉴클레오티드 서열을 표적화하여 표적 세포에서 MP 유전자의 전사를 방지하는 삼중 나선 구조를 형성시킴으로써 MP 유전자의 발현을 억제시킬 수 있다 (통상적으로, 문헌 [Helene, C. (1991) Anticancer Drug Des. 6(6):569-84], 문헌 [Helene, C. et al. (1992) Ann.N.Y. Acad.Sci.660:27-36] 및 문헌 [Maher, L.J. (1992) Bioassays 14(12):807-15] 참조).

[0091] 본 발명의 다른 측면은 메티오닌 및(또는) 리신 대사에 관여하는 유전자들의 조합, 및 본 발명의 방법에 있어서 메티오닌 및(또는) 리신 대사에 관여하는 유전자들의 조합에 관한 것이다. 바람직한 조합은 *metZ*와, *metC*, *metB* (시스타티오닌-신타아제 코딩), *metA* (호모세린-O-아세틸트랜스퍼라제 코딩), *metE* (메티오닌 신타아제 코딩), *metH* (메티오닌 신타아제 코딩), *hom* (호모세린 데히드로게니제 코딩), *asd* (아스파르테이트 세미알데히드 데히드로게나제 코딩), *lysC/ask* (아스파르토키나아제 코딩) 및 rxa00657 (본원에서 서열 5로 언급됨), *dapA* (디히드로디피콜리네이트 신타아제를 코딩하는 유전자), *dapB* (디히드로디피콜리네이트 리덕타제를 코딩하는 유전자), *dapC* (2,3,4,5-테트라히드로피리딘-2-카르복실레이트 N-숙시닐트랜스퍼라제를 코딩하는 유전자), *dapD/argD* (아세틸로니틴 트랜스아미나제를 코딩하는 유전자), *dapE* (숙시닐디아미노피멜레이트 데숙시닐라제를 코딩하는 유전자), *dapF* (디아미노피멜레이트 에피머라제를 코딩하는 유전자), *lysA* (디아미노피멜레이트 데카르복실라제를 코딩하는 유전자), *ddh* (디아미노피멜레이트 데히드로게나제를 코딩하는 유전자), *lysE* (리신 방출 인자를 코딩하는 유전자), *lysG* (방출 인자 조절 인자를 코딩하는 유전자), *hsk* (호모세린 키나아제를 코딩하는 유전자), 및 *ppc* (포스포에놀피루베이트 카르복실라제를 코딩하는 유전자), *ppcK* (포스포에놀피루베이트 카르복시키나아제를 코딩하는 유전자), *pycA* (피루베이트 카르복실라제를 코딩하는 유전자), *accD*, *accA*, *accB*, *accC* (아세틸-CoA-카르복실라제의 서브유닛을 코딩하는 유전자)와 같이 충전 반응 (anaplerotic reaction)에 관여하는 유전자들, 및 펜토스-포스페이트 경로의 유전자들, 글루코스-6-포스페이트-데히드로게나제를 코딩하는 gpdh 유전자, *opcA*, *pgdh* (6-포스포글루코네이트-데히드로게나제를 코딩하는 유전자), *ta* (트랜스알돌라제를 코딩하는 유전자), *tk* (트랜스케톨라제를 코딩하는 유전자), *pgl* (6-포스포글루코노-락토나제를 코딩하는 유전자), *rlpe* (리불로스-포스페이트 3-에피머라제를 코딩하는 유전자), *rpe* (리보스 5-포스페이트 에피머라제를 코딩하는 유전자), 또는 상기 언급한 펜토스-포스페이트 경로 유전자들의 조합, 또는 본 발명의 다른 MP 유전자들과의 조합이다.

[0092] 유전자는 그의 뉴클레오티드 서열 및 상응하는 아미노산 서열이 변화되어, 생리적 조건 하에서의 활성이 변한 결과 원하는 정밀화학물질 (예를 들어, 메티오닌 또는 리신과 같은 아미노산)의 생산성 및(또는) 수율이 증가된 유도체를 생성할 수 있다. 그러한 변화 또는 유도체의 한 클래스는 아스파르토키나아제를 코딩하는 *ask* 유전자의 뉴클레오티드 서열에 대해 잘 알려져 있다. 이들 변화는 아미노산 리신 및 트레오닌에 의한 피드백 억제를 제거하여, 리신이 과다생산되도록 한다. 바람직한 실시양태에서, *metZ* 유전자 또는 *metZ* 유전자의 변화된 형태

가 *ask*, *hom* , *metA* 및 *metH*, 또는 이들 유전자의 유도체와 조합하여 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 사용된다. 다른 바람직한 실시양태에서, *metZ* 유전자 또는 *metZ* 유전자의 변화된 형태가 *ask*, *hom*, *metA* 및 *metE*, 또는 이들 유전자의 유도체와 조합하여 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 사용된다. 보다 바람직한 실시양태에서, *metZ* 유전자 또는 *metZ* 유전자의 변화된 형태가 *ask*, *hom*, *metA* 및 *metH*, 또는 이들 유전자의 유도체와 함께 사용되거나, *metZ*가 *ask*, *hom*, *metA* 및 *metE*, 또는 이들 유전자의 유도체와 함께 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 사용되며, 술페이트, 티오술페이트, 술파이트 및 보다 환원된 황 공급원 (예를 들어, H_2S 및 술피드), 및 이들의 유도체와 같은 황 공급원이 배양 배지에 사용된다. 또한, 메틸 메르캅탄, 메탄술폰산, 티오글리콜레이트, 티오시아네이트, 티오우레아, 황 함유 아미노산 (예를 들어, 시스테인) 및 기타 황 함유 화합물과 같은 황 공급원이 사용될 수 있다. 본 발명의 다른 측면은, 유전자들의 도입 전 또는 후, 방사선 조사에 의해 또는 당업들에게 공지된 돌연변이유발 화합물에 의해 돌연변이가 유발되고, 고농도의 목적 정밀화학물질 (예를 들어, 리신 또는 메티오닌) 또는 원하는 정밀화학물질의 유사체 (예를 들어, 메티오닌 유사체 에티오닌 또는 메틸 메티오닌 등)에 대한 내성으로 선별된 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에서 상기 언급한 유전자 조합의 용도에 관한 것이다. 다른 실시양태에서, 상기 언급한 유전자 조합은 특정 유전자 붕괴를 갖는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에서 발현될 수 있다. 바람직한 것은, 바람직한 탄소를 원치않는 대사 산물로 전환시키는 단백질을 코딩하는 유전자 붕괴이다. 메티오닌이 원하는 정밀화학물질인 경우, 리신의 형성은 바람직하지 못할 수 있다. 그러한 경우, 상기 언급한 유전자들의 조합은 *lysA* 유전자 (디아미노피멜레이트 데카르복실라제를 코딩함) 또는 *ddh* 유전자 (테트라히드로피콜리네이트의 메소-디아미노피멜레이트로의 전환을 촉매하는 메소-디아미노피멜레이트 데히드로게나제를 코딩함)가 붕괴된 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에서 진행되어야 한다. 바람직한 실시양태에서, 상기 언급한 유전자들의 바람직한 조합은, 이들의 유전자 산물이 원하는 정밀화학물질을 생성하는 생합성 경로의 최종 생성물 또는 대사 산물에 의해 피드백 억제되지 않도록 모두 변화된다. 원하는 정밀화학물질이 메티오닌인 경우, 유전자 조합은 미리 돌연변이유발 물질 또는 방사선 조사로 처리되어 상기 언급한 내성에 대해 선별된 균주에서 발현될 수 있다. 또한, 상기 균주는 1종 이상의 상기 언급한 황 공급원을 함유하는 배양 배지에서 배양되어야 한다.

[0093] 본 발명의 다른 실시양태에서, 한 유전자가 이론적 전사 조절 단백질을 코딩하는 유전자로서 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈으로부터 확인되었다. 이 유전자는 RXA00657로 기재되어 있다. RXA00657의 뉴클레오티드 서열은 서열 5에 상응한다. RXA00657의 아미노산 서열은 서열 6에 상응한다. RXA00657과 실시예에 기재된 상류 및 하류 조절 영역이 코리네박테리움 글루타미쿰에서 복제가능한 벡터에 클로닝되고 형질전환되어 ATCC13286과 같은 리신 생산 균주에서 발현되는 경우, 이 균주는 상기 언급한 뉴클레오티드 단편 RXA00657이 결여된 동일한 플라스미드로 형질전환된 균주에 비해 리신을 더 많이 생산하는 것으로 밝혀졌다. 리신 적가가 메티오닌 균주에서 증가했다는 관찰 이외에, 생성된 리신의 몰량을 소비된 수크로스의 몰량에 비교하여 측정한 선택성도 증가하였다 (실시예 14 참조). *lysC*, *dapA*, *dapB*, *dapC*, *dapD*, *dapF*, *ddh*, *lysE*, *lysG* 및 *lysR* 과 같이 리신 특이적 경로에 직접 관여하는 다른 유전자들의 과다발현과 병행된 RXA00657의 과다 발현은 RXA00657 단독의 경우에 비해 리신 생산이 증가하였다.

[0094] *B. 재조합 발현 벡터 및 숙주 세포*

[0095] 본 발명의 다른 측면은 벡터, 바람직하게는 MP 단백질 (또는 그의 일부)을 코딩하는 핵산 또는 하나 이상의 유전자가 MP 단백질을 코딩하는 유전자들의 조합을 함유하는 발현 벡터에 관한 것이다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "벡터"란 그에 연결된 다른 핵산을 수송할 수 있는 핵산 분자를 지칭한다. 벡터의 한 유형으로 "플라스미드"란 추가의 DNA 단편이 라이게이션될 수 있는 환형의 이중 가닥 DNA 루프를 의미한다. 벡터의 다른 유형인 바이러스 벡터는 추가의 DNA 단편을 바이러스 게놈 내로 라이게이션시킬 수 있다. 특정 벡터는 도입된 숙주 세포 내에서 스스로 복제할 수 있다 (예를 들면, 박테리아 복제 개시점을 가진 박테리아 벡터 및 포유류의 에피솜 벡터). 다른 벡터 (예를 들면, 포유류의 비-에피솜 벡터)는 숙주 세포 내로 도입된 후 숙주 게놈 내로 통합되어 숙주 게놈을 따라 함께 복제된다. 또한, 특정 벡터는 작동가능하게 연결된 유전자의 발현을 지시할 수 있다. 본 명세서에서는 그러한 벡터를 "발현 벡터"로 언급한다. 일반적으로, 재조합 DNA 기술에서 사용하는 발현 벡터는 대개 플라스미드의 형태를 갖는다. 플라스미드는 가장 일반적으로 사용되는 벡터 형태이기 때문에, 본 명세서에서는 "플라스미드"와 "벡터"를 혼용할 수 있다. 그러나, 본 발명에는 동등한 기능을 제공하는 바이러스 벡터 (예를 들면, 복제 결손 레트로바이러스, 아데노 바이러스 및 아데노-관련 바이러스)와 같은 다른 형태의 발현 벡터도 포함된다.

[0096] 본 발명의 재조합 발현 벡터는 본 발명의 핵산을 숙주 세포 내에서 핵산의 발현에 적합한 형태로 포함하며, 적합한 형태란 상기 재조합 발현 벡터가 발현용 숙주 세포를 기준으로 선택된 하나 이상의 조절 서열 (발현되는

핵산 서열에 작동가능하게 연결됨)을 함유하고 있음을 의미한다. 재조합 발현 벡터 내에서, "작동가능하게 연결된"이란, 원하는 뉴클레오티드 서열 (예를 들면, 시험관내 전사/번역 시스템 내 또는 벡터가 숙주 세포 내로 도입되는 경우 숙주 세포 내에서)이 발현가능하도록 조절 서열(들)에 연결된 것을 의미한다. 용어 "조절 서열"이란, 프로모터, 레프레서 결합 부위, 활성 인자 결합 부위, 인핸서 및 기타 발현 조절 요소 (예를 들면, 종결자, 폴리아데닐화 신호, 또는 mRNA 2차 구조의 다른 요소)를 포함하는 것으로 한다. 그러한 조절 서열은, 예를 들어 문헌 [Goeddel; *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, CA (1990)]에 기술되어 있다. 조절 서열에는 다수의 숙주 세포 유형 내에서 뉴클레오티드 서열이 구성적으로 발현되도록 하는 것과 특정 숙주 세포 내에서만 뉴클레오티드 서열이 발현되도록 하는 것이 포함된다. 바람직한 조절 서열에는, 예를 들어 박테리아에서 바람직하게 사용되는 cos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, $lacI^q$-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, arny, SPO2, λ-P_R- 또는 λP_L와 같은 프로모터가 있다. 추가의 조절 서열에는, 예를 들어 ADC1, MFα, AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH와 같은 효모 및 진균으로부터의 프로모터, CaMV/35S, SSU, OCS, lib4, usp, STLS1, B33, nos나 유비퀴틴- 또는 파세올린-프로모터와 같은 식물로부터의 프로모터가 있다. 또한 인공 프로모터도 사용할 수 있다. 당업자는 발현 벡터가 형질전환되는 숙주 세포의 선택, 목적 단백질의 발현 정도 등과 같은 인자들에 따라 다르게 고안될 수 있음을 이해할 것이다. 본 발명의 발현 벡터는 숙주세포에 도입됨으로써 본 명세서에 기술된 핵산에 의해 코딩되는 융합 단백질 또는 펩티드 (예를 들면, MP 단백질, MP 단백질의 돌연변이 형태, 융합 단백질 등)를 비롯한 단백질 또는 펩티드를 생산할 수 있다.

[0097] 본 발명의 재조합 발현 벡터는 원핵 또는 진핵 세포에서의 MP 단백질 발현용으로 고안될 수 있다. 예를 들어, MP 유전자는 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 박테리아 세포, 곤충 세포 (배큘로바이러스 발현 벡터 사용), 효모 및 다른 진균류 세포 (문헌 [Romanos, M.A. *et al.* (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", *Yeast* 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J. *et al.* (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi" in: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, eds., p.396-428: Academic Press: San Diego; and van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F. *et al.*, eds., p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge] 참조), 조류 및 다세포 식물 세포 (문헌 [Schmidt, R. and Willmitzer, L. (1988) High efficiency *Agrobacterium tumefactiens*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* leaf and cotyledon explants" *Plant Cell Rep.*:583-586] 참조) 또는 포유류 세포 내에서 발현될 수 있다. 적합한 숙주 세포는 문헌 [Goeddel, *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, CA (1990)]에 더 기술되어 있다. 별법으로, 예를 들어 T7 프로모터 조절 서열 및 T7 중합효소를 사용하여 재조합 발현 벡터를 시험관 내에서 전사 및 번역시킬 수 있다.

[0098] 원핵 세포 내에서의 단백질 발현은 대체로 융합 또는 비-융합 단백질의 발현을 지시하는 구성적 또는 유도가능한 프로모터 함유 벡터로 수행한다. 융합 벡터는 그의 코딩되는 단백질에, 일반적으로는 재조합 단백질의 아미노 말단 뿐 아니라 C-말단에 다수의 아미노산을 부가하거나, 그 단백질의 적절한 영역 내에서 다수의 아미노산을 융합시킨다. 그러한 융합 벡터는 전형적으로 다음의 세 가지 목적, 즉 1) 재조합 단백질의 발현 증가, 2) 재조합 단백질의 가용성 증가, 및 3) 친화성 정제에서 리간드로서 작용함에 의한 재조합 단백질 정제 상의 용이함을 위한 것이다. 대개 융합 발현 벡터 내에서는 융합 부분과 재조합 단백질의 접합부에 단백질 절단 부위가 도입되어 있어서 융합 단백질을 정제한 후 융합 부분으로부터 재조합 단백질을 분리할 수 있다. 그러한 효소 및 그의 동족 인식 서열에는 인자 Xa, 트롬빈 및 엔테로키나제 등이 있다.

[0099] 전형적인 융합 발현 벡터에는 pGEX (Pharmacia Biotech Inc; 문헌 [Smith, D.B. and Johnson, K.S. (1988) *Gene* 67:31-40] 참조), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) 및 pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ) 등이 있으며, 이들은 각각 글루타티온-S-트랜스퍼라제 (GST), 말토스 E 결합 단백질 또는 단백질 A (protein A)를 표적 재조합 단백질에 융합시킨다. 한 실시양태에서는 MP 단백질의 코딩 서열을 pGEX 발현 벡터 내로 클로닝하여 N-말단 내지 C-말단에 GST-트롬빈 절단 부위-X 단백질을 함유하는 융합 단백질 코딩 벡터를 생성하였다. 상기 융합 단백질은 글루타티온-아가로스 수지를 사용하는 친화성 크로마토그래피에 의해 정제할 수 있다. GST에 융합되지 않은 재조합 MP 단백질은 융합 단백질을 트롬빈으로 절단함으로써 얻을 수 있다.

[0100] 적합한 유도가능한 비-융합 대장균 발현 벡터의 예로는 pTrc (문헌 [Amann *et al.*,(1988) *Gene* 69:301-315] 참조), pLG338, pACYC184, pBR322, pUC18, pUC19, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pINIII113-B1, λgt11, pBdCl 및 pET 11d (문헌 [Studier *et al.*, *Gene Expression Technology:*

Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 60-89] 및 문헌 [Pouwels *et al.*, eds. (1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York IBSN 0 444 904018] 참조)가 있다. pTrc 벡터에서 표적 유전자는 trp-lac 혼성 융합 프로모터로부터 숙주 RNA 중합효소에 의한 전사에 의해 발현된다. pET 11d 벡터에서 표적 유전자는 T7 gn 10-lac 융합 프로모터로부터 동시 발현된 바이러스 RNA 중합효소 (T7 gn1)가 매개하는 전사에 의해 발현된다. 이 바이러스 중합효소는 숙주 균주 BL21(DE3) 또는 HMS174(DE3)에 존재하는, lacUV 5 프로모터의 전사 조절 하에 T7 gn1 유전자를 함유하는 λ프로파지로부터 공급된다. 다양한 박테리아의 형질전환을 위해 적절한 벡터를 선택할 수 있다. 예를 들어, 플라스미드 pIJ101, pIJ364, pIJ702 및 pIJ361은 스트렙토마이세스 (*Streptomyces*)를 형질전환시키는데 유용한 것으로 알려진 한편, 플라스미드 pUB110, pC194 또는 pBD214는 바실러스 (*Bacillus*) 종을 형질전환시키는데 적합하다. 코리네박테리움 내로 유전 정보를 전달하는데 사용되는 플라스미드에는 pHM1519, pBL1, pSA77 또는 pAJ667 (문헌 [Pouwels *et al.*,eds.(1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York IBSN 0 444 904018] 참조) 등이 있다.

[0101] 재조합 단백질의 발현을 극대화하는 한가지 전략은 재조합 단백질에 대한 단백질 분해성 절단력이 손상된 숙주 박테리아 내에서 상기 단백질을 발현시키는 것이다 (문헌 [Gottesman, S., *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128] 참조). 다른 전략으로는 발현 벡터 내로 삽입되는 핵산의 핵산 서열을 변형하여 각각의 아미노산에 대한 개별적인 코돈이 발현을 위해 선택된 박테리아 (예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰)가 선호하는 코돈이 되도록 하는 것이 있다 (문헌 [Wada *et al.*(1992) *Nucleic Acids Res.* 20:2111-2118] 참조). 이처럼 본 발명의 핵산 서열을 변형하는 것은 표준 DNA 합성 기술에 의해 수행될 수 있다.

[0102] 다른 실시양태에서, MP 단백질 발현 벡터는 효모 발현 벡터이다. 효모 사카로마이세스 세레비지애 (*Saccharomyces cerevisiae*)의 발현 벡터의 예로는 pYepSec1 (문헌 [Baldari, *et al.*,(1987) *Embo J.*6:229-234), 2μ, pAG-1, Yep6, Yep13, pEMBLYe23, pMFa (문헌 [Kurjan and Herskowitz,(1982) *Cell* 30:933-943) 참조), pJRY88 (문헌 [Shultz *et al.*,(1987) *Gene* 54:113-123] 참조) 및 pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA) 등이 있다. 사상 진균류와 같은 다른 진균류용으로 적절한 벡터 및 벡터의 제조 방법으로는 문헌 [van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in:Applied Molecular Genetics of Fungi, J.F. Peberdy, *et al.*,eds., p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge] 및 문헌 [Pouwels *et al.*,eds.(1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York (IBSN 0 444 904018)]에 상술된 것들이 포함된다.

[0103] 별법으로, 배큘로바이러스 발현 벡터를 사용하여 본 발명의 MP 단백질을 곤충 세포 내에서 발현시킬 수 있다. 배양된 곤충 세포 (예를 들면, Sf 9 세포)에서의 단백질 발현용 배큘로바이러스 벡터에는 pAc계 (문헌 [Smith *et al.* (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165] 참조) 및 pVL계 (문헌 [Lucklow and Summers (1989) *Virology* 170:31-39] 참조) 등이 있다.

[0104] 다른 실시양태에서는 단세포 식물 세포 (예를 들어, 조류) 또는 고등 식물 (예를 들면, 작물 식물과 같은 종자 식물)로부터의 식물 세포 내에서 본 발명의 MP 단백질을 발현시킬 수 있다. 식물 발현 벡터의 예로는 문헌 [Becker, D., Kemper, E., Schell, J. and Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20: 1195-1197], 문헌 [Bevan, M.W. (1984) "Binary *Agrobacterium* vectors for plant transformation", *Nucl. Acid. Res.* 12: 8711-8721]에 상술된 것들이 포함되며 pLGV23, pGHlac+, pBIN19, pAK2004 및 pDH51 (문헌 [Pouwels *et al.*, eds. (1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York IBSN 0 444 904018] 참조)가 포함된다.

[0105] 또다른 실시양태에서는 포유류 발현 벡터를 사용하여 포유류 세포 내에서 본 발명의 핵산을 발현시킨다. 포유류 발현 벡터의 예로는 pCDM8 (문헌 [Seed, B. (1987) *Nature* 329:840] 참조) 및 pMT2PC (문헌 [Kaufman *et al.* (1987) *EMBO J.* 6:187-195] 참조) 등이 있다. 포유류 세포를 사용하는 경우, 발현 벡터의 조절 기능은 대개 바이러스 조절 요소에 의한 것이다. 예를 들어, 일반적으로 사용되는 프로모터는 폴리오마, 아데노바이러스 2, 사이토메갈로바이러스 및 시미안 바이러스 40으로부터 유래된 것이다. 원핵 세포 및 진핵 세포 둘 다에 적합한 다른 발현계에 대해서는 문헌 [Chapters 16 and 17 of Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Maniatis, T. Molecular Cloning: *A Laboratory Manual. 2nd. ed. Cold Spring Harbor Laboratory*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989]을 참조한다.

[0106] 다른 실시양태에서, 재조합 포유류 발현 벡터는 특정 세포 유형에서의 차별적인 핵산 발현이 가능하도록 한다 (예를 들면, 조직-특이적 조절 요소가 핵산을 발현시키는데 사용됨). 조직-특이적 조절 요소는 당업계에 공지

되어 있다. 적합한 조직-특이적 프로모터의 예로는 알부민 프로모터 (간-특이적; 문헌 [Pinkert *et al*. (1987) *Genes Dev*. 1:268-277] 참조), 림프양-특이적 프로모터 (문헌 [Calame and Eaton (1988) *Adv. Immunol*. 43:235-275] 참조), 특히 T 세포 수용체의 프로모터 (문헌 [Winoto and Baltimore (1989) *EMBO J*. 8:729-733] 참조)와 면역글로불린의 프로모터 (문헌 [Banerji *et al*. (1983) *Cell* 33:729-740], 문헌 [Queen and Baltimore (1983) *Cell* 33:741-748] 참조), 뉴런-특이적 프로모터 (예를 들면, 뉴로필라멘트 프로모터; 문헌 [Byrne and Ruddle (1989) *PNAS* 86:5473-5477] 참조), 췌장-특이적 프로모터 (문헌 [Edlund *et al*. (1985) *Science* 230:912-916] 참조) 및 유선(乳腺)-특이적 프로모터 (예를 들면, 유장(乳漿) 프로모터; 미국 특허 제4,873,316호 및 유럽 출원 번호 제264,166호 참조) 등이 있으나, 이에 제한되지 않는다. 또한, 발생-조절 프로모터, 예를 들어 쥐과 hox 프로모터 (문헌 [Kessel and Gruss (1990) *Science* 249:374-379] 참조) 및 α-페토프로틴 프로모터 (문헌 [Campes and Tilghman (1989) *Genes Dev*. 3:537-546] 참조)도 포함된다.

[0107] 본 발명은 안티센스 방향으로 발현 벡터 내에서 클로닝된 본 발명의 DNA 분자를 함유하는 재조합 발현 벡터를 추가로 제공한다. 즉, 상기 DNA 분자는 MP mRNA에 대해 안티센스인 RNA 분자의 (상기 DNA 분자의 전사에 의한) 발현이 가능하도록 조절 서열에 작동가능하게 연결된다. 안티센스 방향으로 클로닝된 핵산에 작동가능하게 연결된 조절 서열은 예를 들어, 바이러스 프로모터 및(또는) 인핸서처럼 다양한 세포 유형에서 안티센스 RNA 분자가 지속적으로 발현되도록 하는 것으로 선택할 수 있으며, 또는 안티센스 RNA가 구성적, 조직-특이적 또는 세포형 특이적으로 발현되도록 하는 조절 서열을 선택할 수도 있다. 안티센스 발현 벡터는 고효율의 조절 영역의 조절 하에서 안티센스 핵산을 생산하는 재조합 플라스미드, 파지미드 또는 약독화 바이러스의 형태일 수 있으며, 그 활성은 상기 벡터가 도입된 세포 유형에 의해 결정될 수 있다. 안티센스 유전자를 사용하여 유전자 발현을 조절하는 것에 대해서는 문헌 [Weintraub, H. *et al*., Antisense RNA as a molecular tool for genetic analysis, *Reviews - Trends in Genetics*, Vol. 1(1) 1986]을 참조한다.

[0108] 본 발명의 다른 측면은 본 발명의 재조합 발현 벡터가 도입된 숙주 세포에 관한 것이다. 용어 "숙주 세포" 및 "재조합 숙주 세포"는 본 명세서에서 혼용되고 있다. 그러한 용어는 특정 대상 세포를 지칭할 뿐만 아니라 그러한 세포의 자손 또는 잠재적인 자손도 의미하는 것으로 이해한다. 세대를 지나면서 돌연변이나 환경의 영향으로 인해 임의의 변형이 나타날 수 있기 때문에, 사실 그러한 자손은 부모 세포와 동일하지 않지만, 여전히 본 명세서에서 사용하는 용어의 범위에 포함된다.

[0109] 숙주 세포는 임의의 원핵 세포 또는 진핵 세포일 수 있다. 예를 들어, MP 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 박테리아 세포, 곤충 세포, 효모 또는 포유류 세포 (예를 들어, 차이니스 햄스터 난소 세포 (CHO) 또는 COS 세포) 내에서 발현될 수 있다. 다른 적합한 숙주 세포는 당업자에게 공지되어 있다. 본 발명의 핵산 및 단백질 분자를 위한 숙주세포로서 용이하게 사용할 수 있는 코리네박테리움 글루타미쿰 관련 미생물이 표 3에 기재되어 있다.

[0110] 벡터 DNA는 통상적인 형질전환 또는 형질감염 기술을 통해 원핵 또는 진핵 세포 내로 도입될 수 있다. 본원에서 사용된 용어 "형질전환" 및 "형질감염", "접합" 및 "형질도입"이란, 이종 핵산 (예를 들면, 선형 DNA 또는 RNA (예를 들면, 선형화 벡터이거나, 또는 벡터 없는 단독 유전자 구조물)) 또는 벡터 형태의 핵산 (예를 들면, 플라스미드, 파지, 파스피드, 파지미드, 트랜스포손 또는 다른 DNA)을 숙주 세포 내에 도입하는 다양한 공지 기술을 의미하는 것이며, 여기에는 인산 칼슘 또는 염화 칼슘 동시 침전법, DEAE-덱스트란-매개 형질감염법, 리포펙션법 (lipofection), 자연 수용법 (natural competence), 화학물질 매개 전달법, 또는 전기천공법 등이 포함된다. 숙주 세포를 형질전환 또는 형질감염시키는데 적합한 방법은 문헌 [Sambrook *et al*. (*Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989)] 및 다른 실험 매뉴얼에서 찾을 수 있다.

[0111] 포유류 세포의 안정적 형질감염에 대해서는, 발현 벡터와 이용된 형질감염 기술에 따라, 단지 일부 소수 세포만이 그의 게놈 내로 외래 DNA를 통합한다는 것이 알려져 있다. 이들 통합체를 확인하고 선별하기 위해, 일반적으로 선택가능한 표지 (예를 들면, 항생제 내성)를 코딩하는 유전자를 목적 유전자와 함께 숙주 세포 내로 도입시킨다. 바람직한 선택가능한 표지에는 G418, 하이그로마이신 및 메토트렉세이트와 같은 약물 내성을 부여하는 것들이 포함된다. 선택가능한 표지를 코딩하는 핵산은 MP 단백질을 코딩하는 그 벡터 상에서 숙주 세포 내로 도입될 수 있으며, 또는 별도의 벡터 상에서 도입될 수도 있다. 도입된 핵산이 안정적으로 형질감염된 세포는 약물 선택법을 통해 확인할 수 있다 (예를 들면, 선택가능한 표지 유전자가 혼입된 세포는 생존할 것이나, 그렇지 않은 다른 세포는 사멸함).

[0112] 상동성 재조합 미생물을 제조하기 위해서, 결실, 부가 또는 치환을 도입시켜 MP 유전자를 변형 (예를 들면, 기

능을 파괴)시킨 MP 유전자의 적어도 일부를 함유하는 벡터를 제조한다. 바람직하게는 이 MP 유전자는 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 유전자이지만, 관련 박테리아로부터의 상동체 뿐만 아니라 포유류, 효모 또는 곤충 기원으로부터의 상동체일 수도 있다. 바람직한 실시양태에서, 상기 벡터는 상동성 재조합에 의해 내생성 MP 유전자가 기능적으로 파괴 (즉, 더이상 기능적 단백질을 코딩하지 않음, "녹아웃 (knock-out)" 벡터로도 지칭됨)되도록 고안된다. 별법으로, 상기 벡터는 상동성 재조합에 의해 내생성 MP 유전자가 돌연변이되거나 달리 변형되었지만 여전히 기능적 단백질을 코딩 (즉, 상류 조절 영역이 변형되어 내생성 MP 단백질의 발현이 변형될 수 있음)하도록 고안된다. 상동성 재조합 벡터에는 변화된 MP 유전자 일부의 5' 및 3'의 측면에 MP 유전자의 추가적인 핵산이 위치하여 벡터에 의해 운반된 외생성 MP 유전자와 미생물 내의 내생성 MP 유전자 사이에 상동성 재조합이 일어나도록 한다. 추가된 측면 MP 핵산은 내생성 유전자와 성공적으로 상동성 재조합 되기에 충분한 길이를 갖는다. 전형적으로, 수 킬로베이스의 인접 DNA (5' 및 3' 말단 둘 다)가 상기 벡터 내에 포함된다 (예를 들어, 상동성 재조합 벡터에 대해 기술하는 문헌 [Thomas, K.R., and Capecchi, M.R. (1987) Cell 51:503] 참조). 상기 벡터는 (예를 들면, 전기천공법에 의해) 미생물 내로 도입되고, 도입된 MP 유전자와 내생성 MP 유전자가 상동성 재조합된 세포를 공지된 기술에 의해 선별한다.

[0113] 다른 실시양태에서, 도입된 유전자의 발현을 조절할 수 있는 것으로 선택된 시스템을 함유하는 재조합 미생물을 제조할 수 있다. 예를 들어, 벡터 상에 lac 오페론의 조절을 받는 MP 유전자가 포함된 경우에는 오직 IPTG의 존재 하에서만 MP 유전자가 발현될 수 있다. 그러한 조절 시스템은 당업계에 공지되어 있다.

[0114] 다른 실시양태에서, 숙주 세포 내의 내생성 MP 유전자를 (예를 들면, 상동성 재조합 또는 당업계에 공지된 다른 유전적 수단에 의해) 붕괴시켜 그의 단백질 산물이 발현되지 않게 한다. 다른 실시양태에서, 숙주 세포 내의 도입된 MP 유전자 또는 내생성 MP 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변화되지만, 여전히 기능적 MP 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 미생물 내에 있는 하나 이상의 조절 영역 (예를 들면, 프로모터, 레프레서 또는 인듀서)이 (예를 들면, 결실, 절단, 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 변화되어 MP 단백질의 발현이 변한다. 당업자라면, 상기 기술한 MP 유전자 및 단백질 변형을 하나 이상 함유한 숙주 세포가 본 발명의 방법을 이용하여 용이하게 생성될 수 있으며 이들이 본 발명에 포함되는 것임을 이해할 것이다.

[0115] 배양물 중의 원핵 또는 진핵 숙주 세포와 같은 본 발명의 숙주 세포는 MP 단백질의 생산 (즉, 발현)에 이용된다. 따라서, 본 발명은 본 발명의 숙주 세포를 이용한 MP 단백질의 생산 방법을 추가로 제공한다. 한 실시양태에서, 상기 방법은 본 발명의 (MP 단백질을 코딩하는 재조합 발현 벡터가 도입되거나, 야생형 또는 변형된 MP 단백질을 코딩하는 유전자가 게놈 내로 도입된) 숙주 세포를 MP 단백질이 생산될 때까지 적합한 배지에서 배양하는 것을 포함한다. 다른 실시양태에서, 상기 방법은 상기 배지 또는 숙주 세포로부터 MP 단백질을 단리하는 것을 추가로 포함한다.

[0116] *C. 단리된 MP 단백질*

[0117] 본 발명의 다른 측면은 단리된 MP 단백질 및 생물학적으로 활성인 그의 일부에 관한 것이다. "단리된" 또는 "정제된" 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부는 재조합 DNA 기술에 의해 생산된 경우 실질적으로 세포내 물질이 없으며, 또는 화학적으로 합성된 경우에는 실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없다. 용어 "실질적으로 세포내 물질이 없는 것"이란, 천연적으로 또는 재조합에 의해 MP 단백질을 생산하는 세포의 세포 구성 물질로부터 상기 단백질을 분리한 MP 단백질 제제를 포함한다. 한 실시양태에서, 용어 "실질적으로 세포내 물질들이 없는 것"은 비-MP 단백질 (본 명세서에서 "오염 단백질"로도 언급됨) 함량이 약 30% 미만 (건 중량), 바람직하게는 약 20% 미만, 더욱 바람직하게는 약 10% 미만, 가장 바람직하게는 약 5% 미만인 MP 단백질 제제를 포함한다. 또한, MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부가 재조합에 의해 생산되는 경우, 실질적으로 배양 배지가 없는 것이 바람직하다. 즉, 배양 배지 함량이 약 20 부피% 미만, 더욱 바람직하게는 약 10 부피% 미만, 가장 바람직하게는 5 부피% 미만으로 나타나는 단백질 제제가 바람직하다. 용어 "실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없는 것"이란, MP 단백질의 합성에 관여한 화학적 전구체 또는 다른 화학 물질로부터 상기 단백질을 분리한 MP 단백질 제제를 포함한다. 한 실시양태에서, 용어 "실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없는 것"은 화학적 전구체 또는 비-MP 화학 물질의 함량이 약 30% 미만 (건 중량), 바람직하게는 약 20% 미만, 더욱 바람직하게는 약 10% 미만, 가장 바람직하게는 약 5% 미만인 MP 단백질 제제를 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 단리된 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부에는 그 MP 단백질이 유래된 생물로부터의 오염 단백질이 없다. 전형적으로, 그러한 단백질은 예를 들어 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물 내에서 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질의 재조합 발현에 의해 생산된다.

[0118] 본 발명의 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시

드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 갖는다. 바람직한 실시양태에서, 상기 단백질 또는 그의 일부는 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들면, 서열 목록에서 짝수 서열 번호로 기재된 서열)과 충분히 상동성인 아미노산 서열을 포함하며, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있는 능력을 유지한다. 상기 단백질의 일부는 바람직하게는 본 명세서에서 기술한 것처럼 생물학적으로 활성인 일부이다. 다른 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 MP 단백질은 서열 목록에서 짝수 서열 번호로 기재된 아미노산 서열을 갖는다. 다른 바람직한 실시양태에서, MP 단백질은 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들면, 서열 목록에서 홀수 서열 번호로 기재된 서열)에 혼성화되는 (예를 들면, 엄격 조건 하에서 혼성화되는) 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 갖는다. 다른 바람직한 실시양태에서, MP 단백질은 본 발명의 핵산 서열 또는 그의 일부 중 하나와 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 갖는다. 또한, 상기 언급된 값에 중간값인 동일성 값 및 범위 (예를 들어, 70 내지 90% 동일성 또는 80 내지 95% 동일성)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 상한치 및(또는) 하한치의 조합으로 사용한 동일성 값의 범위는 본 발명에 포함된다. 또한, 본 발명의 바람직한 MP 단백질은 본 명세서에 기술된 MP 활성을 하나 이상 보유하는 것이 바람직하다. 예를 들어, 본 발명의 바람직한 MP 단백질은 본 발명의 뉴클레오티드 서열에 혼성화 (예를 들면, 엄격 조건 하에서 혼성화)되는 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩된 아미노산 서열을 포함하며, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 가질 수 있다.

[0119] 다른 실시양태에서, MP 단백질은 실질적으로 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들면, 서열 목록에서 짝수 서열 번호로 기재된 서열)과 상동성이며, 상기 서브섹션 I에서 상술한 것처럼 천연 변이나 돌연변이유발로 인하여 아미노산 서열이 다름에도 본 발명의 아미노산 서열 중 하나의 단백질의 기능적 활성을 보유한다. 따라서, 다른 실시양태에서, MP 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열과의 상동성이 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, 99.7% 이상 또는 그 이상인 아미노산 서열을 포함하며, 본 명세서에 기술된 MP 활성 중 하나 이상을 가지고 있다. 또한, 상기 언급한 값에 중간값인 동일성 값 및 범위 (예를 들어, 70 내지 90% 동일성 또는 80 내지 95% 동일성)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 상한치 및(또는) 하한치의 조합으로 사용한 동일성 값의 범위는 본 발명에 포함된다. 다른 실시양태에서, 본 발명은 본 발명의 전체 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질에 관한 것이다.

[0120] MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부는 MP 단백질의 아미노산 서열 (예를 들면, 서열 목록에서 짝수 서열 번호로 기재된 서열)로부터 유래된 아미노산 서열을 포함하거나 MP 단백질과 상동성인 단백질의 아미노산 서열을 포함하며 전장 MP 단백질 또는 MP 단백질과 상동성이며 하나 이상의 MP 단백질 활성을 보이는 전장 단백질보다 적은 수의 아미노산을 함유한다. 전형적으로, 생물학적으로 활성인 일부 (펩티드, 예를 들어 5, 10, 15, 20, 30, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 50, 100 또는 그 이상의 아미노산 길이를 갖는 펩티드)는 MP 단백질의 하나 이상의 활성을 갖는 도메인 또는 모티프를 포함한다. 또한, 상기 단백질의 다른 영역이 결실되어 생물학적으로 다른 활성을 갖는 일부를 재조합 기술에 의해 제조할 수 있으며 본원에서 기술한 하나 이상의 활성을 측정할 수 있다. 바람직하게는, MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부는 생물학적 활성이 있는 하나 이상의 선택된 도메인/모티프 또는 그의 일부를 포함한다.

[0121] MP 단백질은 바람직하게는 재조합 DNA 기술에 의해 생산된다. 예를 들어, 상기 단백질을 코딩하는 핵산 분자는 발현 벡터 (상기 기술된 바와 같음) 내로 클로닝되고, 상기 발현 벡터는 숙주 세포 (상기 기술된 바와 같음) 내로 도입되고, MP 단백질은 상기 숙주 세포 내에서 발현된다. 그 후, 상기 MP 단백질은 표준 단백질 정제 기술을 이용하여 적절한 정제 단계를 통해 세포로부터 단리될 수 있다. 재조합 발현과는 별법으로, MP 단백질, 폴리펩티드 또는 펩티드는 표준 펩티드 합성 기술을 이용하여 화학적으로 합성할 수 있다. 또한, 천연 MP 단백질은, 예를 들어 본 발명의 MP 단백질 또는 그의 일부를 사용한 표준 방법에 의해 생산될 수 있는 항-MP 항체를

사용하여 세포 (예를 들면, 내피 세포)로부터 단리할 수 있다.

[0122] 또한 본 발명은 MP 키메라 또는 융합 단백질을 제공한다. 본 명세서에서 사용된 MP "키메라 단백질" 또는 "융합 단백질"은 비-MP 폴리펩티드에 작동가능하게 연결된 MP 폴리펩티드를 포함한다. "MP 폴리펩티드"란 MP에 상응하는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 지칭하며, "비-MP 폴리펩티드"란 실질적으로 MP 단백질과 상동성이 없는 단백질, 예를 들어 MP 단백질과 다르며 동일한 또는 상이한 생물로부터 유래된 단백질에 상응하는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 의미한다. 융합 단백질에서, 용어 "작동가능하게 연결된"이란, MP 폴리펩티드 및 비-MP 폴리펩티드가 프레임에 맞게 서로 융합된 것을 의미한다. 상기 비-MP 폴리펩티드는 MP 폴리펩티드의 N-말단 또는 C-말단에 융합될 수 있다. 예를 들어 한 실시양태에서, 융합 단백질은 MP 서열이 GST 서열의 C-말단에 융합된 GST-MP 융합 단백질이다. 그러한 융합 단백질은 재조합 MP 단백질의 정제를 용이하게 할 수 있다. 다른 실시양태에서, 융합 단백질은 그의 N-말단에 이종 신호 서열을 함유하는 MP 단백질이다. 특정한 숙주 세포 (예를 들면, 포유류 숙주 세포) 내에서, MP 단백질의 발현 및(또는) 분비는 이종 신호 서열을 이용함으로써 증가될 수 있다.

[0123] 바람직하게는, 본 발명의 MP 키메라 또는 융합 단백질은 표준 재조합 DNA 기술에 의해 생산된다. 예를 들어, 별개의 폴리펩티드 서열을 코딩하는 DNA 단편을 통상적인 기술에 따라, 예를 들어 라이게이션을 위해 블런트-말단 또는 엇갈린 (stagger-ended) 말단을 이용하는데, 적절한 말단을 만들기 위해 제한 효소로 절단하고, 경우에 따라 접착 말단을 채워 넣고, 바람직하지 않은 연결을 피하기 위해 알칼라인 포스파타제를 처리하고, 효소로 라이게이션시킴으로써 프레임에 맞게 함께 라이게이션시킨다. 다른 실시양태에서, 융합 유전자는 자동 DNA 합성기 등을 사용하는 통상적인 기술로 합성될 수 있다. 별법으로, 2개의 연속된 유전자 단편 사이에 상보적인 오버행을 생성케하는 앵커 프라이머를 사용하여 유전자 단편을 PCR 증폭할 수 있으며, 이는 추후 어닐링되고 재증폭되어 키메라 유전자 서열을 생성한다 (예를 들어, 문헌 [Current Protocols in Molecular Biology, eds. Ausubel *et al*. John Wiley & Sons: 1992] 참조). 또한, 융합 부분 (예를 들면, GST 폴리펩티드)을 이미 코딩하고 있는 발현 벡터들이 많이 시판되고 있다. MP 코딩 핵산을 그러한 발현 벡터 내로 클로닝시켜 융합 부분을 MP 단백질과 프레임에 맞게 연결시킬 수 있다.

[0124] MP 단백질의 상동체는 돌연변이유발법, 예를 들어 분연속 점 돌연변이 또는 MP 단백질의 말단 절단에 의해 생성될 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "상동체"란, MP 단백질의 활성에 대한 작용제 또는 길항제로 작용하는 MP 단백질의 변이체 형태를 지칭하는 것이다. MP 단백질 작용제의 생물학적 활성은 MP 단백질의 것과 실질적으로 동일하거나, 그에 버금갈 수 있다. MP 단백질의 길항제는 예를 들어 MP 단백질을 포함하는 MP 캐스캐이드의 하류 또는 상류 구성원에 경쟁적으로 결합함으로써 MP 단백질 자연 발생 형태의 활성 하나 이상을 억제할 수 있다. 따라서, 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질 및 그의 상동체는 MP 단백질이 이 미생물 내에서 역할을 하는 대사 경로 하나 이상의 활성을 조절할 수 있다.

[0125] 다른 실시양태에서, 상기 MP 단백질의 상동체는 MP 단백질 돌연변이체 (예를 들면, 말단 절단 돌연변이체)의 조합 라이브러리를 MP 단백질 작용제 또는 길항제 활성에 대해 스크리닝함으로써 확인할 수 있다. 한 실시양태에서, MP 변이체의 혼재된 (variegated) 라이브러리는 핵산 수준에서의 조합 돌연변이유발법으로 생성되며, 혼재된 유전자 라이브러리에 의해 코딩된다. MP 변이체의 혼재된 라이브러리는 예를 들어 합성 올리고뉴클레오티드 혼합물을 유전자 서열에 효소적으로 라이게이션시켜 잠재적 MP 서열의 축퇴 (degenerate) 세트가 개별적인 폴리펩티드로서 발현가능하게 하거나, 별법으로 그 안에 MP 서열의 세트를 함유한 거대 융합 단백질 (예를 들면, 파지 디스플레이)로서 발현가능하게 할 수 있다. 다양한 방법들을 사용하여 축퇴 올리고뉴클레오티드 서열로부터 잠재적 MP 상동체의 라이브러리를 생산할 수 있다. 자동 DNA 합성기를 사용하여 축퇴 유전자 서열을 화학적으로 합성할 수 있고, 그 다음, 상기 합성 유전자를 적절한 발현 벡터 내로 라이게이션시킬 수 있다. 유전자 축퇴 세트를 이용하면 원하는 세트의 가능한 MP 서열을 코딩하는 모든 서열을 하나의 혼합물 내에 제공할 수 있다. 축퇴 올리고뉴클레오티드를 합성하는 방법은 당업계에 공지되어 있다 (예를 들면, 문헌 [Narang, S.A. (1983) Tetrahedron 39:3], 문헌 [Itakura *et al*. (1984) Annu. Rev. Biochem. 53:323], 문헌 [Itakura *et al*. (1983) Science 198:1056], 문헌 [Ike *et al*. (1983) Nucleic Acid Res. 11:477] 참조).

[0126] 또한, MP 단백질 코딩 유전자의 단편 라이브러리를 이용하여 MP 단백질 상동체에 대한 스크리닝 및 그 후의 선별을 위한 MP 단편의 혼재된 집단을 생성할 수 있다. 한 실시양태에서, 새김눈 (nick)이 분자 당 약 한 번만 일어나는 조건 하에서 뉴클레아제를 MP 코딩 서열의 이중 가닥 PCR 단편에 처리하고, 상기 이중 가닥 DNA를 변성시키고, 상기 DNA를 탈변성 (renaturation)시켜 다른 새김눈 생성물로부터의 센스/안티센스 쌍을 포함할 수 있는 이중 가닥 DNA를 형성케하고, S1 뉴클레아제를 처리하여 재형성된 이중 가닥으로부터 단일 가닥 부분을 제거하고, 생성된 단편 라이브러리를 발현 벡터 내로 라이게이션시킴으로써 코딩 서열 단편의 라이브러리를 제조

할 수 있다. 이 방법에 의해, 다양한 크기를 갖는 MP 단백질의 N-말단, C-말단 및 내부 단편을 코딩하는 발현 라이브러리를 유도할 수 있다.

[0127] 점 돌연변이 또는 말단 절단에 의해 만들어진 조합 라이브러리의 유전자 산물 스크리닝 및 선택된 특성을 갖는 유전자 산물에 대한 cDNA 라이브러리 스크리닝을 위한 몇몇 기술이 당업계에 공지되어 있다. 그러한 기술은 MP 상동체의 조합 돌연변이유발에 의해 생성된 유전자 라이브러리를 신속하게 스크리닝하는 데 사용할 수 있다. 가장 널리 사용되는 기술로서, 거대 유전자 라이브러리를 스크리닝하기 위한 고처리능 분석에서 사용가능한 기술로는 대표적으로 유전자 라이브러리를 복제가능한 발현 벡터 내로 클로닝하고, 생성된 벡터 라이브러리로 적절한 세포를 형질전환시키고, 원하는 활성의 검출이 검출되는 유전자 산물을 코딩하는 벡터의 단리를 용이하게 하는 조건 하에서 조합 유전자를 발현시키는 것을 포함한다. 라이브러리 내 기능성 돌연변이의 빈도를 증가시키는 새로운 기술인 재귀적 앙상블 돌연변이유발법 (Recursive ensemble mutagenesis) (REM)을 스크리닝 분석 시험과 함께 사용하여 MP 상동체를 확인할 수 있다 (문헌 [Arkin and Yourvan (1992) *PNAS* 89:7811-7815], 문헌 [Delgrave *et al*. (1993) *Protein Engineering* 6(3):327-331] 참조).

[0128] 다른 실시양태에서, 당업계에 공지된 방법을 사용하는 세포 기재 분석법으로 혼재된 MP 라이브러리를 분석할 수 있다.

[0129] *D. 본 발명의 용도 및 방법*

[0130] 본원에 기재한 핵산 분자, 단백질, 단백질 상동체, 융합 단백질, 프라이머, 벡터 및 숙주세포는 코리네박테리움 글루타미쿰 및 관련 생물의 확인, 코리네박테리움 글루타미쿰과 관련된 생물의 게놈 맵핑, 코리네박테리움 글루타미쿰의 목적 서열의 확인 및 위치 규명, 진화 연구, 기능에 필요한 MP 단백질 부위의 결정, MP 단백질 활성의 조절, MP 경로의 활성 조절, 및 정밀화학물질과 같은 원하는 화합물의 세포내 생성 조절 등의 방법 중 하나 이상에 사용할 수 있다.

[0131] 본 발명의 MP 핵산 분자는 다양한 용도를 갖는다. 첫째, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 것일 수 있는 생물의 존재 여부 확인에 사용할 수 있다. 또한, 혼합된 미생물 집단에서 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 것일 수 있는 미생물의 존재 여부를 확인하는 데 사용할 수 있다. 본 발명은 단일 또는 혼합된 미생물 집단의 배양물에서 추출한 게놈 DNA를 엄격 조건 하에서 코리네박테리움 글루타미쿰에 고유한 유전자 영역에 걸친 프로브를 사용하여 탐침함으로써 상기 생물의 존재 여부를 확인할 수 있는 다수의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 핵산 서열을 제공한다. 코리네박테리움 글루타미쿰 그 자체는 인간에게 병원성이 아니지만, 코리네박테리움 디프테리아와 같은 인간 병원체인 종과 관련이 있다. 코리네박테리움 디프테리아는 국부 및 전신성 병변을 수반하여 급속도로 진행되는 급성 발열 감염인 디프테리아의 원인균이다. 이러한 질병에서는, 호흡관 상부에 국소 병변이 발생하고 상피 세포에 괴사성 손상을 수반하고, 바실러스가 독소를 분비하여 상기 병변을 통해 신체 말단에 감염되기 쉬운 조직으로 퍼지게 된다. 심장, 근육 말초 신경, 부신, 신장, 간 및 비장을 비롯한 상기 조직에서 단백질 합성의 억제에 의해 발생하는 퇴행성 변화는 질병의 전신성 병리 현상을 일으킨다. 디프테리아는 아프리카, 아시아, 동유럽 및 구 소련 연합의 독립 국가를 비롯한 세계의 여러 지역에서 높은 발병율을 유지하고 있다. 동유럽 및 구 소련의 독립 국가에서 계속되는 유행성 디프테리아로 1990년 이래 5,000명 이상이 사망했다.

[0132] 한 실시양태에서, 본 발명은 개체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 확인하는 방법을 제공한다. 본 발명은 개체에서 본 발명의 1종 이상의 핵산 또는 아미노산 서열 (서열목록에서 홀수 또는 짝수 서열 번호로 각각 나타냄)을 검출함으로써 개체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 검출하는 것을 포함한다. 코리네박테리움 글루타미쿰과 코리네박테리움 디프테리아는 관련있는 박테리아이며, 코리네박테리움 글루타미쿰의 많은 핵산 및 단백질 분자는 코리네박테리움 디프테리아의 핵산 및 단백질 분자와 상동성이 있으므로 개체에서 코리네박테리움 디프테리아를 검출하는데 사용할 수 있다.

[0133] 또한, 본 발명의 핵산 및 단백질 분자는 게놈의 특정 영역의 마커로 기능을 한다. 이러한 기능은 게놈 맵핑뿐 아니라 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질의 기능 연구에서도 유용성이 있다. 예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰 게놈을 절단하여 단편을 DNA 결합 단백질과 인큐베이션시켜, 코리네박테리움 글루타미쿰의 특정 DNA 결합 단백질이 결합하는 게놈 영역을 확인할 수 있다. 단백질에 결합하는 영역은 또한 본 발명의 핵산 분자, 바람직하게는 용이하게 검출할 수 있는 표지로 탐침할 수 있다. 이와 같은 게놈 단편에 대한 핵산 분자의 결합으로 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈 맵에 단편의 위치를 정할 수 있으며, 상이한 효소로 여러번 수행하는 경우 단백질이 결합하는 핵산 서열을 신속하고 용이하게 결정한다. 또한, 본 발명의 핵산 분자는 관련 종의 서열과 충분한 상동성을 가질 수 있어서 브레비박테리움 락토페르멘툼 (*Brevibacterium lactofermentum*)과 같은 관

련 박테리아의 게놈 맵을 작성하기 위한 마커로 사용할 수 있다.

[0134] 또한, 본 발명의 MP 핵산 분자는 진화 및 단백질 구조 연구에 유용하다. 본 발명의 분자가 관여하는 대사 과정은 매우 다양한 원핵 및 진핵 박테리아에 의해 이용된다. 다른 생물과 유사한 효소를 코딩하는 핵산 분자 서열과 본 발명의 핵산 분자의 서열을 비교함으로써 생물의 진화 관련성을 평가할 수 있다. 유사하게, 이러한 비교로 서열 영역의 보존 여부를 평가할 수 있으며, 이러한 보존 영역은 효소 기능에 필수적인 단백질 영역을 결정하는데 도움이 될 수 있다. 이러한 결정 방법은 단백질 공학에 유용하며, 단백질 기능의 손실없이 유발된 돌연변이에 내성을 가질 수 있는 지를 나타낼 수 있다.

[0135] 본 발명의 MP 핵산 분자의 조작으로 야생형 MP 단백질과는 상이한 기능을 갖는 MP 단백질을 제조할 수 있다. 이러한 단백질은 효율 또는 활성이 개선될 수 있으며, 정상 세포보다 과량으로 존재할 수 있거나 효율 또는 활성이 감소될 수도 있다.

[0136] 본 발명은 단백질 자체 또는 MP 단백질의 기질이나 결합 파트너와 상호작용시키거나 본 발명의 MP 핵산 분자의 전사 또는 번역을 조절함으로써 MP 단백질의 활성을 조절하는 분자를 스크리닝하는 방법을 제공한다. 상기 방법에서, 본 발명의 1종 이상의 MP 단백질을 발현하는 생물을 1종 이상의 시험 화합물과 접촉시켜 MP 단백질의 활성 또는 발현수준에 대한 각각의 시험 화합물의 효과를 평가한다.

[0137] 코리네박테리움 글루타미쿰의 대규모 발효 배양물로부터 단리한, 원하는 정밀화학물질이 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스인 경우, 재조합 유전 메카니즘으로 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성 또는 활성 효율을 조절하여 상기 정밀화학물질 중 하나의 생성에 직접 영향을 미칠 수 있다. 예를 들어, 원하는 아미노산에 관한 생합성 경로 효소의 경우, 효소 (다수의 유전자 카피의 존재 포함)의 활성 또는 효율을 개선시켜, 그 원하는 아미노산의 생산 효율 또는 생산성을 증가시켜야 한다. 아미노산에 관한 생합성 경로의 효소 합성이 원하는 아미노산의 합성과 경쟁 관계에 있는 경우, 이 효소의 효율 또는 활성을 임의로 감소 (유전자 결실 포함)시켜, 중간체 화합물 및(또는) 에너지에 관한 경쟁 감소에 기인한 그 원하는 아미노산의 생산 효율 또는 생산성 증가를 유발해야 한다. 원하는 아미노산에 관한 분해 경로 효소의 경우, 그 효소의 활성 또는 효율을 임의로 감소시켜, 이로 인한 원하는 생성물의 분해 감소에 기인하여 그 원하는 생성물의 생성 효율 또는 수율이 향상되도록 해야 한다. 마지막으로, 원하는 아미노산의 생합성에 관여하는 효소가 더이상 피드백 억제할 수 없도록 이 효소를 돌연변이유발시켜 원하는 아미노산의 생산 효율 또는 수율을 증가시켜야 한다. 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 및 트레할로스 대사에 관여하는 본 발명의 생합성 및 분해 효소에도 마찬가지가 적용되어야 한다.

[0138] 유사하게, 원하는 정밀화학물질이 상기 언급한 화합물 중 하나가 아닐 경우, 본 발명의 단백질 중 하나의 활성 조절은 코리네박테리움 글루타미쿰의 대규모 배양물로부터의 화합물 생산 효율 및(또는) 수율에 영향을 미칠 수 있다. 임의의 생물의 대사 경로는 밀접하게 상호연관되어 있어서, 한 경로에서 사용되는 중간체가 종종 다른 경로에 의해 공급된다. 상이한 대사 과정으로부터의 화합물의 세포내 수준을 기준으로 효소 발현 및 기능을 조절할 수 있고, 아미노산 및 뉴클레오티드 등 기본적인 성장에 필요한 분자들의 세포내 수준은 대규모 배양시 미생물 생존력에 크게 영향을 줄 수 있다. 그러므로, 예를 들면, 더이상 피드백 억제를 하지 않거나, 효율 또는 교체율 (turnover)이 개선되도록 아미노산 생합성 효소를 조절하여 아미노산 1종 이상의 세포내 수준을 증가시킬 수 있다. 그 다음, 이렇게 증가된 아미노산 푸울 (pool)은 단백질 합성에 필요한 분자들의 공급 뿐 아니라, 수많은 다른 생합성 경로에서 중간체 및 전구체로 이용되는 분자들의 공급 또한 증가시킨다. 특정 아미노산이 세포내에서 제한되는 경우, 이 아미노산의 생성 증가는 세포의 수많은 다른 대사 반응의 수행력을 증가시킬 수 있을 뿐 아니라, 그 세포가 모든 종류의 단백질을 더욱 효과적으로 생성케하고, 가능하다면, 대규모 배양시 그 세포의 전반적인 성장 속도 또는 생존 능력을 증가시킬 수도 있다. 생존력 증가는 발효 배양시 원하는 정밀화학물질을 생성할 수 있는 수많은 세포들을 개선시켜, 이 화합물의 수율을 증가시킨다. 유사하게, 본 발명의 분해 효소가 원하는 화합물의 생합성에 중요한 세포내 화합물의 분해를 더 이상 촉매하지 못하거나, 덜 효율적으로 촉매하도록, 또는 대규모 배양시 이 세포가 더욱 효과적으로 성장하고 번식할 수 있도록 이 효소의 활성을 조절할 수 있다. 또한, 본 발명의 특정 분자의 분해 활성을 최적화시키거나 생합성 활성을 감소시켜 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 특정 정밀화학물질 생성에 유익한 영향을 줄 수 있음은 강조되어야 한다. 예를 들어, 원하는 화합물의 생합성 경로에서 1종 이상의 중간체에 관해 경쟁적 경로에 있는 생합성 효소의 활성 효율을 감소시키면, 더 많은 상기 중간체들이 원하는 생성물로의 전환에 이용될 수 있을 것이다. 유사한 상황이 본 발명의 1종 이상의 단백질에 대한 분해능 또는 분해 효율 개선에 요구될 수 있다.

[0139] 원하는 화학물질의 수율을 증가시키기 위한 MP 단백질의 돌연변이유발법에 관한 상기 목록은 한정적인 것이 아

니며, 이러한 방법의 변형법은 당업자에게 자명할 것이다. 이러한 메카니즘에 의해, 본 발명의 핵산 및 단백질 분자를 돌연변이된 MP 핵산 및 단백질 분자를 발현하는 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 균주의 제조에 이용하여 원하는 화합물의 수율, 생산성 및(또는) 생산 효율을 개선시킨다. 상기 원하는 화합물은 생합성 경로의 최종 생성물 및 자연 발생 대사 경로의 중간체 뿐 아니라 코리네박테리움 글루타미쿰 대사에서는 본래 일어나지 않으나 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 의해서는 생산되는 분자를 포함하는, 코리네박테리움 글루타미쿰에 의해 생산되는 모든 천연 생성물일 수 있다. 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 의해 생산되는 바람직한 화합물은 아미노산 L-리신 및 L-메티오닌이다.

[0140] 한 실시양태에서, 메티오닌 생합성 경로의 세 번째 효소인 시스타티오닌 β-리아제를 코딩하는 *metC* 유전자를 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 단리하였다. 이 유전자의 번역 생성물은 다른 생물로부터의 *metC* 유전자와 상당한 상동성을 나타내지 않았다. *metC* 유전자를 함유하는 플라스미드를 코리네박테리움 글루타미쿰에 도입한 결과, 시스타티오닌 β-리아제의 활성이 5배 증가하였다. 35,574 달톤의 단백질 산물을 코딩하고 325개의 아미노산으로 이루어진, 이제 MetC (서열 4에 상응함)로 언급되는 단백질 산물은 상이한 2개의 아미노산이 존재한다는 것을 제외하고는 이미 보고된 *aecD* 유전자 (Rossol, I. and Puhler, A. (1992) J. Bacteriology 174, 2968-5977)와 동일하였다. *aecD* 유전자와 유사하게, *metC* 유전자는 다수 카피로 존재하는 경우에 독성 리신 유사체인 S-(β-아미노에틸)-시스테인에 대한 내성을 부여하였다. 그러나, 유전자적 증거 및 생화학적 증거는 *metC* 유전자 산물의 천연 활성이 코리네박테리움 글루타미쿰에서 메티오닌 생합성을 매개함을 시사한다. *metC*의 돌연변이체 균주를 제작했는데, 이 균주는 메티오닌 자가영양성을 나타냈다. 이 돌연변이체 균주는 S-(γ-아미노에틸)-시스테인에 대한 내성을 나타내는 자신의 능력을 완전히 상실하였다. 이들 결과는, 또다른 생합성 경로인 트랜스 황화 이외에 직접 숱프히드릴화 경로가 대등한 메티오닌 생합성 경로로서 코리네박테리움 글루타미쿰에서 기능함을 의미한다.

[0141] 또다른 실시양태에서, 부가의 숱프히드릴과 경로가 O-아세틸호모세린 숱프히드릴라제에 의해 촉매됨을 알아냈다. 이 경로의 존재는 상응하는 *metZ* (또는 *metY*) 유전자 및 효소 (각각 서열 1 및 서열 2에 상응함)를 단리함으로써 입증되었다. 진핵 생물 중에서, 진균 및 효소 종이 트랜스 황화 및 직접 숱프히드릴화 경로 둘 다를 갖는 것으로 보고되었다. 그 후 지금까지, 상기 경로를 둘 다 갖는 원핵 생물을 발견되지 않았다. 리신에 대해 1가지 생합성 경로만을 갖는 이. 콜라이와 달리, 코리네박테리움 글루타미쿰은 상기 아미노산에 대해 동등한 2가지 생합성 경로를 갖는다. 코리네박테리움 글루타미쿰에서 메티오닌에 대한 생합성 경로는 이러한 측면에서 리신에 대한 경로와 유사하다.

[0142] *metZ* 유전자는 메티오닌 생합성의 제1 단계를 촉매하는 효소를 코딩하는 유전자인 *metA*의 상류 영역에 위치한다 (Park, S.-D., et al. (1998) Mol. Cells 8, 286-294). *metA*의 상류 및 하류 영역을 서열분석하여 다른 *met* 유전자들을 찾아냈다. *metZ* 및 *metA*는 오페론을 형성하는 것으로 보인다. MetA 및 MetZ를 코딩하는 유전자들의 발현 결과, 상응하는 폴리펩티드가 과다발현되었다.

[0143] 놀랍게도, *metZ* 클론은 메티오닌 영양요구성 에셰리치아 콜라이 *metB* 돌연변이체 균주를 보완할 수 있다. 이는 *metZ*의 단백질 산물이 *metB*의 단백질 산물에 의해 촉매되는 단계를 우회할 수 있는 단계를 촉매함을 의미한다. 또한, *metZ*를 붕괴시키자, 돌연변이체 균주가 메티오닌 자가영양성을 나타냈다. 또한, 코리네박테리움 글루타미쿰 *metB* 및 *metZ* 이중 돌연변이체도 제작하였다. 이중 돌연변이체는 메티오닌에 대한 영양요구주이다. 따라서, *metZ*는 메티오닌 생합성의 숱프히드릴화 경로 중 한 단계인 O-아세틸-호모세린에서 호모시스테인으로의 반응을 촉매하는 단백질을 코딩한다. 코리네박테리움 글루타미쿰은 메티오닌 생합성의 트랜스 황화 및 숱프히드릴과 경로 둘 다를 함유한다.

[0144] *metZ*를 코리네박테리움 글루타미쿰에 도입한 결과, 47,000 달톤의 단백질이 발현되었다. *metZ*와 *metA*를 함께 코리네박테리움 글루타미쿰에 도입한 결과, *metA* 단백질 및 *metZ* 단백질이 겔 전기영동에서 나타났다. 코리네박테리움 균주가 리신을 과다생산하는 것일 경우, *metZ* 및 *metA*를 함유하는 플라스미드의 도입은 더 낮은 리신 적가를 초래하였지만, 호모시스테인 및 메티오닌의 축적이 검출되었다.

[0145] 다른 실시양태에서, *metZ* 및 *metA*를 *hom* 유전자 (아스파르테이트 세미알데히드의 호모세린으로의 전환을 촉매하는 호모세린 데히드로게나제를 코딩함)와 함께 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 도입하였다. 상이한 생물로부터의 상이한 *hom* 유전자들을 선택하여 이 실험을 수행하였다. 코리네박테리움 글루타미쿰 *hom* 유전자는, 에셰리치아 콜라이 또는 바실러스 서브틸리스와 같은 다른 원핵 생물로부터의 *hom* 유전자, 또는 사카로마이세스 세레비지애, 쉬조사카로마이세스 폼베 (*Shizosaccharomyces pombe*), 아쉬비아 고시피이 (*Ashbya gossypii*) 또는 조류, 고등 식물 또는 동물과 같은 진핵 생물의 *hom* 유전자처럼 잘 사용될 수 있다. *hom* 유전자는 아스파르

테이트, 리신, 트레오닌 또는 메티오닌 등의 아스파르테이트 과 (family) 아미노산의 생합성 경로에서 나타나는 임의의 대사 산물에 의해 매개되는 피드백 억제에 대해 둔감할 것이다. 그러한 대사 산물로는, 예를 들어 아스파르테이트, 리신, 메티오닌, 트레오닌, 아스파르틸-포스페이트, 아스파르테이트 세미 알데히드, 호모세린, 시스타티오닌, 호모시스테인, 또는 이 생합성 경로에서 나타나는 임의의 다른 대사 산물이 있다. 대사 산물 이외에, 호모세린 데히드로게나제는 모든 이들 대사 산물의 유사체에 의한 억제에 둔감하거나, 또는 심지어 이 대사에 관여하는 다른 화합물에 대해서도 둔감할 수 있는데, 이는 시스테인과 같은 다른 아미노산 또는 비타민 B12와 같은 보조인자 및 그의 모든 유도체, 및 S-아데노실메티오닌 및 그의 대사 산물, 유도체 및 유사체가 존재하기 때문이다. 호모세린이 이들 모두에 대해, 이들 중 일부에 대해, 또는 이들 화합물 중 오직 하나에 대해 둔감한 것은 이 효소의 본래 성질이거나, 또는 통상적인 돌연변이 유발 및 화학 물질이나 방사선 조사 또는 기타 돌연변이원을 이용한 선별로 인해 나타난 하나 이상의 돌연변이의 결과일 수 있다. 또한, 이 돌연변이는 유전자 기술, 예를 들어 부위 특이적 점 돌연변이의 도입, 또는 MP 또는 MP 코딩 DNA 서열에 대해 상기 언급한 임의의 방법을 이용하여 *hom* 유전자에 도입될 수 있다.

[0146] *hom* 유전자를 metZ 및 *metA* 유전자와 함께 리신을 과다생산하는 코리네박테리움 글루타미쿰에 도입하는 경우, 리신 축적이 감소하고 호모시스테인 및 메티오닌 축적이 증가하였다. 리신을 과다생산하는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주가 이용되고, *hom* 유전자와 *metZ* 및 *metA*를 함께 함유하는 DNA로 형질전환시키기 전에 *ddh* 유전자 또는 *lysA* 유전자가 붕괴되는 경우에는, 호모시스테인 및 메티오닌의 농도가 더 증가될 수 있다. 호모시스테인 및 메티오닌의 과다생산은 상이한 황 공급원을 이용하여 가능했다. 술페이트, 티오술페이트, 술파이트 및 보다 환원된 황 공급원 (예를 들어, H_2S 및 술피드), 및 이들의 유도체를 사용할 수 있다. 또한, 메틸 메르캅탄, 티오글리콜레이트, 티오시아네이트, 티오우레아, 황 함유 아미노산 (예를 들어, 시스테인) 및 기타 황 함유 화합물과 같은 유기 황 공급원을 사용하여 호모시스테인 및 메티오닌의 과다생산을 성취할 수 있다.

[0147] 다른 실시양태에서, *metC* 유전자를 상기 언급한 방법으로 코리네박테리움 글루타미쿰에 도입하였다. *metC* 유전자는 *metB*, *metA* 및 *metA*와 같은 다른 유전자들과 함께 균주에 도입될 수 있다. *hom* 유전자도 또한 첨가될 수 있다. *hom* 유전자, *metC*, *metA* 및 *metB* 유전자가 한 벡터에 포함되어 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 도입되는 경우에, 호모시스테인 및 메티오닌의 과다생산을 성취하였다. 호모시스테인 및 메티오닌의 과다생산은 상이한 황 공급원을 이용하여 가능했다. 술페이트, 티오술페이트, 술파이트 및 보다 환원된 황 공급원 (예를 들어, H_2S 및 술피드), 및 이들의 유도체를 사용할 수 있다. 또한, 메틸 메르캅탄, 티오글리콜레이트, 티오시아네이트, 티오우레아, 황 함유 아미노산 (예를 들어, 시스테인) 및 기타 황 함유 화합물과 같은 유기 황 공급원을 사용하여 호모시스테인 및 메티오닌의 과다생산을 성취할 수 있다.

[0148] 또한, 본 발명은 하기 실시예에 의해 예시되나, 이에 한정되는 것으로 해석해서는 안된다. 본원 전반에 걸쳐 인용된 모든 참고 문헌, 특허 출원, 특허, 공개된 특허 출원의 모든 내용, 표 및 서열목록은 이 거명을 통해 본 명세서에 참고문헌으로 포함된다.

실 시 예

[0149] **실시예 1: 코리네박테리움 글루타미쿰 ATCC 13032의 전체 게놈 DNA의 프렙**

[0150] BHI 배지 (Difco 제품) 중의 코리네박테리움 글루타미쿰 (ATCC 13032) 배양물을 30℃에서 격렬히 진탕시키면서 밤새 성장시켰다. 원심분리하여 세포를 회수하여 상층액은 버리고, 세포를 5 ml 완충액-I (배양물 처음 부피의 5%에 해당함-나타낸 모든 부피는 배양 부피 100 ml에 대해 계산한 값임) 중에 재현탁했다. 완충액-I의 조성은 다음과 같았다: 140.34 g/ℓ 수크로스, 2.46 g/ℓ $MgSO_4 \times 7\ H_2O$, 10 ml/L KH_2PO_4 용액 (100 g/ℓ, KOH를 사용하여 pH 6.7로 조정), 50 ml/L M12 농축물 (10 g/ℓ $(NH_4)_2SO_4$, 1 g/ℓ NaCl, 2 g/ℓ $MgSO_4 \times 7\ H_2O$, 0.2 g/ℓ $CaCl_2$, 0.5 g/ℓ 효모 추출물 (Difco 제품), 10 ml/L 미량 원소 혼합물 (200 mg/ℓ $FeSO_4 \times H_2O$, 10 mg/ℓ $ZnSO_4 \times 7\ H_2O$, 3 mg/ℓ $MnCl_2 \times 4\ H_2O$, 30 mg/ℓ H_3BO_3, 20 mg/ℓ $CoCl_2 \times 6\ H_2O$, 1 mg/ℓ $NiCl_2 \times 6\ H_2O$, 3 mg/ℓ $Na_2MoO_4 \times 2\ H_2O$, 500 mg/ℓ 착화제 (EDTA 또는 시트르산), 100 ml/L 비타민 혼합물 (0.2 mg/ℓ 바이오틴, 0.2 mg/ℓ 엽산, 20 mg/ℓ p-아미노 벤조산, 20 mg/ℓ 리보플라빈, 40 mg/ℓ ca-판토테네이트, 140 mg/ℓ 니코틴산, 40 mg/ℓ 피리독솔 히드로클로라이드, 200 mg/ℓ 미오-이노시톨). 상기 현탁액에 리소짐을 최종 농도 2.5 mg/ml로 첨가했다. 37℃에서 대략 4 시간 동안 인큐베이션시킨 다음, 세포벽을 파괴하고 원심분리하여, 원형질체를 수거했다. 펠렛을 5 ml 완충액-I으로 1 회 세척하고, 5 ml TE-완충액 (10 mM 트리스-HCl, 1 mM EDTA, pH 8)으로 1 회 세척했다. 펠렛을 4 ml TE-완충액 중에 재현탁하고, 0.5 ml SDS 용액 (10%) 및 0.5 ml

NaCl 용액 (5 M)을 첨가했다. 프로테이나제 K를 최종 농도 200 ㎍/ml로 첨가한 다음, 상기 현탁액을 37℃에서 약 18 시간 동안 인큐베이션시켰다. 표준 방법을 이용하여, 페놀, 페놀-클로로포름-이소아밀알콜 및 클로로포름-이소아밀알콜로 추출하여 DNA를 정제했다. 그 다음, 1/50 부피의 3 M 아세트산 나트륨 및 2 배 부피의 에탄올을 첨가하여 DNA를 침전시킨 후, -20℃에서 30 분 동안 인큐베이션시키고, SS34 회전자 (Sorvall 제품)를 사용한 고속 원심분리기로 12,000 rpm에서 30 분 동안 원심분리했다. 상기 DNA를 20 ㎍/ml RNaseA를 함유한 1 ml TE-완충액 중에 용해시키고, 4℃에서 3 시간 이상 동안 1000 ml TE-완충액 중에 투석했다. 투석 동안, 상기 완충액을 3 회 갈아주었다. 투석된 DNA 용액을 0.4 ml씩 분취하여, 0.4 ml 2 M LiCl 및 0.8 ml 에탄올을 첨가했다. -20℃에서 30 분 동안 인큐베이션시킨 다음, 원심분리 (13,000 rpm, 독일 하나우 헤래우스 소재의 Biofuge Fresco 제품)하여 DNA를 수집했다. DNA 펠렛을 TE-완충액 중에 용해했다. 이 방법으로 프렙된 DNA를 서던 블럿팅 또는 게놈 라이브러리 제작 등의 모든 목적에 이용했다.

[0151] **실시예 2: 대장균에서 코리네박테리움 글루타미쿰 ATCC13032의 게놈 라이브러리 제작**

[0152] 실시예 1에 기재한 바와 같이 프렙된 DNA를 사용하여, 공지되고 수립된 방법 (예를 들면, 문헌 [Sambrook, J. et al. (1989) "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory Press] 또는 문헌 [Ausubel, F.M. et al. (1994) "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons] 참조)에 따라 코스미드 및 플라스미드 라이브러리를 제작했다.

[0153] 임의의 플라스미드 또는 코스미드를 사용할 수 있었다. 특히, 플라스미드 pBR322 (문헌 [Sutcliffe, J.G. (1979) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75:3737-3741]); pACYC177 (문헌 [Change & Cohen (1978) J. Bacteriol 134:1141-1156]), pBS 계열의 플라스미드 (pBSSK+, pBSSK- 등; 문헌 [Stratagene, LaJolla, USA]), 또는 SuperCos I (문헌 [Stratagene, LaJolla, USA]) 또는 Lorist6 (문헌 [Gibson, T.J., Rosenthal A. and Waterson, R.H. (1987) Gene 53:283-286]) 등의 코스미드를 사용했다. 구체적으로, 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 유전자 라이브러리는 플라스미드 pSL 109 (문헌 [Lee, H.-S. and A.J. Sinskey (1994) J. Microbiol. Biotechnol. 4:256-263])를 사용하여 제작할 수 있다.

[0154] *metC* 클론을 단리하기 위해, 이. 콜라이 JE6839 세포를 라이브러리 DNA로 형질전환시키고, 앰피실린 및 적당한 보충물을 함유하는 M9 최소 배지에 플레이팅하였다. 이 플레이트를 37℃에서 5일 동안 배양하였다. 콜로니를 단리하고, 플라스미드 내용물에 대해 스크리닝하였다. 단리된 *metC* 유전자의 완전한 뉴클레오티드 서열을 당업자에게 공지된 방법으로 결정하였다.

[0155] **실시예 3: DNA 서열분석 및 컴퓨터를 이용한 기능 분석**

[0156] 실시예 2에 기재한 바와 같은 게놈 라이브러리를 사용하여, 표준 방법에 따른 DNA 서열분석, 특히 ABI377 서열분석기를 사용한 쇄 종결 방법 (예를 들면, 문헌 [Fleischman, R.D. et al. (1995) "Whole-genome Random Sequencing and Assembly of Haemophilus Influenzae Rd., Science, 269:496-512)에 의한 DNA 서열분석을 수행했다. 다음의 뉴클레오티드 서열을 갖는 서열분석 프라이머를 사용했다: 5'-GGAAACAGTATGACCATG-3' (서열 123) 또는 5'-GTAAAACGACGGCCAGT-3' (서열 124).

[0157] **실시예 4: 생체내 돌연변이유발법**

[0158] 코리네박테리움 글루타미쿰의 생체내 돌연변이유발법은 완전한 유전 정보 유지 능력이 손상된 대장균 또는 다른 미생물 (예를 들면, 바실러스 종 (*Bacillus spp.*) 또는 사카로마이세스 세레비지애 (*Saccharomyces cerevisiae*) 등의 효모)에 플라스미드 (또는 다른 벡터) DNA를 계대접종하여 수행할 수 있다. 전형적인 돌연변이유발 균주는 DNA 복구 시스템에 관한 유전자 (예를 들면, mutHLS, mutD, mutT 등; 참고를 위해서는, 문헌 [Rupp, W.D. (1996) DNA repair mechanisms, in: *Escherichia coli* and *Salmonella*, p.2277-2294, ASM: Washington] 참조)에 돌연변이가 있다. 이러한 균주들은 당업자에게 공지되어 있다. 이런 균주의 사용법은 예를 들어, 문헌 [Greener, A. and Callahan, M. (1994) Strategies 7:32-34]에 설명되어 있다.

[0159] **실시예 5: 대장균과 코리네박테리움 글루타미쿰 사이의 DNA 전달**

[0160] 여러 코리네박테리움 및 브레비박테리움 종은 자율적으로 복제되는 내생성 플라스미드 (예를 들면, pHM1519 또는 pBL1 등)를 함유하고 있다 (이에 관해 살펴보기 위해서는, 예를 들어 문헌 [Martin, J.F. et al. (1987) Biotechnology, 5:137-146]을 참조한다). 대장균 및 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 셔틀 벡터는 코리네박테리움 글루타미쿰을 위한 복제 기점 및 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 적당한 마커를 첨가한, 대장균에 사용하는 표준 벡터 (문헌 [Sambrook, J. et al. (1989), "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory Press] 또는 문헌 [Ausubel, F.M. et al. (1994) "Current

Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons])를 사용하여 쉽게 제작할 수 있다. 상기 복제 기점은 코리네박테리움 및 브레비박테리움 종에서 단리한 내생성 플라스미드로부터 얻는 것이 바람직하다. 특히, 상기 종에 관한 형질전환 마커로 사용하는 유전자는 카나마이신 내성 유전자 (예를 들면, Tn5 또는 Tn903 트란스포손 등에서 유래) 또는 클로람페니콜 내성 유전자 (문헌 [Winnacker, E.L. (1987) "From Genes to Clones-Introduction to Gene Technology, VCH, Weinheim])이다. 대장균 및 코리네박테리움 글루타미쿰 모두에서 복제되고, 유전자 과다발현 등을 포함하는 여러 목적에 사용할 수 있는 매우 다양한 셔틀 벡터의 제작법에 관한 수많은 문헌이 있다 (참고를 위해서는, 예를 들어 문헌 [Yoshihama, M. et al. (1985) J. Bacteriol. 162:591-597], 문헌 [Martin J.F. et al. (1987) Biotechnology, 5:137-146] 및 문헌 [Eikmanns, B.J. et al. (1991) Gene, 102:93-98]을 참조한다).

[0161] 표준 방법을 사용하여, 관심 유전자를 상기 기재된 셔틀 벡터들 중 하나에 클로닝하고 이러한 하이브리드 벡터를 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 도입할 수 있다. 코리네박테리움 글루타미쿰의 형질전환은 원형질체 형질전환법 (문헌 [Kastsumata, R. et al. (1984) J. Bacteriol. 159:306-311]), 전기천공법 (문헌 [Liebl, E. et al. (1989) FEMS Microbiol. Letters, 53:399-303]) 및 특정 벡터가 사용되는 경우에는 접합법 (예를 들면, 문헌 [Schaefer, A et al. (1990) J. Bacteriol. 172:1663-1666]에 기재된 바와 같음)에 의해서도 달성될 수 있다. 또한, 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 플라스미드 DNA를 프렙 (당업계에 공지된 표준 방법을 사용)하고, 이것을 대장균으로 형질전환시켜 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 셔틀 벡터를 대장균에 전달할 수도 있다. 이러한 형질전환 단계는 표준 방법을 사용하여 수행할 수 있지만, NM522 (문헌 [Gough & Murray (1983) J. Mol. Biol. 166:1-19]) 등과 같은 Mcr-결핍 대장균 균주를 사용하는 것이 유리하다.

[0162] pCG1 (문헌 [미국 특허 제4,617,267호]) 또는 이의 단편, 및 경우에 따라 TN903으로부터의 카나마이신 내성 유전자 (문헌 [Grindley, N.D. and Joyce, C.M. (1980) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77 (12):7176-7180])를 포함하는 플라스미드를 사용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에서 유전자를 과다발현시킬 수 있다. 또한, 플라스미드 pSL 109 (문헌 [Lee, H.-S. and A.J.Sinskey (1994) J. Microbiol. Biotechnol. 4:256-263])를 사용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에서 유전자를 과다발현시킬 수 있다.

[0163] 복제성 플라스미드를 사용하는 것 이외에도, 유전자 과다발현은 게놈으로의 통합으로 달성될 수도 있다. 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 다른 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 종에서의 게놈 통합은 게놈 영역(들)과의 상동성 재조합, 제한 엔도뉴클레아제 매개 통합 (REMI) (예를 들어 문헌 [독일 특허 제19823834호] 참조), 또는 트란스포손을 사용하는 등의 공지된 방법으로 수행할 수 있다. 또한, 위치 지정 방법 (예를 들면, 상동성 재조합) 또는 무작위 사건에 기초한 방법 (예를 들면, 트란스포손 돌연변이유발법 또는 REMI)을 사용한 서열의 변형, 삽입, 또는 결실에 의해 조절 영역 (예를 들면, 프로모터, 레프레서 (repressor), 및(또는) 인핸서)을 변형하여 관심 유전자의 활성을 조정할 수도 있다. 또한, 전사 종결자로 기능하는 핵산 서열을 본 발명의 유전자 하나 이상의 코딩 영역 3'에 삽입할 수도 있다; 이러한 종결자는 당업계에 공지되어 있으며, 예를 들면 문헌 [Winnacker, E.L. (1987) From Genes to Clones-Introduction to Gene Technology. VCH: Weinheim]에 기재되어 있다.

[0164] **실시예 6: 돌연변이 단백질의 발현 평가**

[0165] 돌연변이된 단백질이 형질전환된 숙주 세포에서 그 단백질의 활성을 관찰한 결과, 상기 돌연변이 단백질이 야생형 단백질과 유사한 방식 및 유사한 양으로 발현된다는 사실을 알아냈다. 돌연변이 유전자의 전사 수준 (유전자 산물로의 번역에 이용가능한 mRNA 양에 관한 지표)을 확인하는 유용한 방법은 노던 블럿팅 (참고를 위해서는, 예를 들어 문헌 [Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York]을 참조한다)을 수행하는 것인데, 이는 생물 배양물의 전체 RNA를 추출하여 겔상에서 전개시키고, 이를 안정한 매트릭스로 전달한 후, 관심 유전자에 결합하도록 고안하여 검출가능한 태그 (통상적으로 방사성 또는 화학발광성 태그)로 표지한 프라이머와 인큐베이션시켜, 상기 프로브의 결합 및 그 결합량이 상기 관심 유전자의 mRNA 존재 여부 및 양을 또한 지시하는 방법이다. 이러한 정보는 돌연변이 유전자의 전사 정도에 관한 증거가 된다. 코리네박테리움 글루타미쿰의 세포내 전체 RNA는 예를 들면, 문헌 [Bormann, E.R. et al. (1992) Mol. Microbiol. 6:317-326]에 기재된 것과 같이 당업계에 공지된 여러 방법들을 이용하여 프렙할 수 있다.

[0166] 이 mRNA로부터 번역된 단백질의 존재 여부 또는 그 상대량을 평가하기 위해, SDS-아크릴아미드 겔 전기영동과 같은 표준 기술을 이용하였다. *metC* 및 *metZ*가 *metA*와 함께 코리네박테리움 글루타미쿰에서 과다생산되는 것을 이 방법에 의해 입증하였다. 또한, 웨스턴 블럿팅도 이용할 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York]을 참조). 이 방법에서, 세포내 전체 단백질을 추

출하고, 겔 전기영동법으로 분리한 후, 이를 니트로셀룰로스 등과 같은 매트릭스로 전달하여, 원하는 단백질에 특이적으로 결합하는 항체 등의 프로브와 인큐베이션시킨다. 통상적으로, 이 프로브는 쉽게 검출될 수 있는 화학발광성 또는 비색성 표지로 태그된 것이다. 관찰된 표지의 존재 여부 및 양은 그 세포 내에서 원하는 돌연변이 단백질의 존재 여부 및 양을 지시한다.

[0167] **실시예 7: 에셰리치아 콜라이 및 유전적으로 변형된 코리네박테리움 글루타미쿰 - 배지 및 배양 조건**

[0168] 이. 콜라이 균주는 통상적으로 MB 및 LB 브로쓰 (borth)에서 각각 배양하였다 (Follettie, M. T., et al. (1993) J. Bacteriol. 175, 4096-4103). 이. 콜라이를 위한 최소 배지는 M9 및 변형된 MCGC (Yoshihama, M., et al. (1985) J. Bacteriol. 162, 591-507)였다. 글루코스를 최종 농도 1%로 첨가하였다. 항생제를 하기의 양 (㎍/ml)으로 첨가하였다: 앰피실린 50, 카나마이신 25, 날리딕스산 25. 아미노산, 비타민 및 기타 보충물을 하기의 양으로 첨가하였다: 메티오닌 9.3 mM, 아르기닌 9.3 mM, 히스티딘 9.3 mM, 티아민 0.05 mM. 이. 콜라이 세포는 통상적으로 37℃에서 각각 배양하였다.

[0169] 유전적으로 변형된 코리네박테리아를 합성 또는 천연 성장 배지에서 배양한다. 코리네박테리아의 수많은 상이한 성장 배지는 당업계에 공지되어 있으며, 또한 쉽게 이용가능하다 (문헌 [Lieb et al. (1989) Appl. Microbiol. Biotechnol., 32:205-210], 문헌 [von der Osten et al. (1998) Biotechnology Letters, 11:11-16], 문헌 [독일 특허 제4,120,867호], 문헌 [Liebl (1992) "The Genus Corynebacterium", in: The Procaryotes, Volume II, Balows, A. et al., eds. Springer-Verlag]). 상기 배지는 1 종 이상의 탄소 공급원, 질소 공급원, 무기염, 비타민 및 미량 원소로 구성된다. 바람직한 탄소 공급원은 단당류, 이당류, 또는 다당류 등의 당이다. 예를 들면, 글루코스, 프룩토스, 만노스, 갈락토스, 리보스, 소르보스, 리불로스, 락토스, 말토스, 수크로스, 라피노스, 녹말 또는 셀룰로스가 매우 훌륭한 탄소 공급원으로 기능한다. 또한, 당 정제시 생성되는 당밀 또는 기타 부산물 등과 같은 복합 화합물 등을 통해 당을 배지에 공급할 수도 있다. 또한, 상이한 탄소 공급원들의 혼합물을 공급하는 것도 유리할 수 있다. 다른 가능한 탄소 공급원은 메탄올, 에탄올, 아세트산 또는 락트산 등의 알콜 및 유기산이다. 질소 공급원은 통상적으로 유기 또는 무기 질소 화합물, 또는 이러한 화합물을 함유하는 물질이다. 질소 공급원의 예로는 암모니아 기체 또는 NH_4Cl 또는 $(NH_4)_2SO_4$, NH_4OH 등의 암모니아염, 질산염, 우레아, 아미노산 또는 옥수수 침유 (steep liquor), 대두 가루, 대두 단백질, 효모 추출물, 육류 추출물 등의 복합 질소 공급원 등이 있다.

[0170] 호모시스테인 및 메티오닌과 같은 황 함유 아미노산의 과다생산은 상이한 황 공급원을 이용하여 가능해졌다. 술페이트, 티오술페이트, 술파이트 및 보다 환원된 황 공급원 (예를 들어, H_2S 및 술피드), 및 이들의 유도체를 사용할 수 있다. 또한, 메틸 메르캅탄, 티오글리콜레이트, 티오시아네이트, 티오우레아, 황 함유 아미노산 (예를 들어, 시스테인) 및 기타 황 함유 화합물과 같은 유기 황 공급원을 사용하여 호모시스테인 및 메티오닌의 과다생산을 성취할 수 있었다.

[0171] 배지에 포함될 수 있는 무기 염 화합물로는 칼슘, 마그네슘, 나트륨, 코발트, 몰리브데늄, 칼륨, 망간, 아연, 구리 및 철의 염산염, 인산염, 또는 황산염 등이 있다. 킬레이트 화합물을 배지에 첨가하여 금속 이온을 용액 상태로 유지할 수 있다. 특히 유용한 킬레이트 화합물로는 카테콜 또는 프로토카테쿠에이트 등의 디히드록시페놀, 또는 시트르산 등의 유기산 등이 있다. 또한, 통상적으로 배지에는 비타민 또는 성장 촉진제 등의 다른 성장 요소가 포함되어 있고, 이들의 예로는 바이오틴, 리보플라빈, 티아민, 엽산, 니코틴산, 판토페네이트 및 피리독신 등이 있다. 성장 요소 및 염은 흔히 효모 추출물, 당밀, 옥수수 침유 등과 같은 복합 배지 성분에서 생긴다. 배지 화합물의 정확한 조성은 이후의 실험에 따라 크게 달라지고, 각각의 특정 경우마다 따로 결정된다. 배지의 최적화에 관한 정보는 문헌 ["Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach (eds. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) pp.53-73, ISBN 0 19 963577 3)]에서 찾을 수 있다. 또한, 스탠다드 1 (Merck 제품) 또는 BHI (곡물 속 침출물, DIFCO 제품) 등과 같이 제조 회사로부터의 성장배지 중에서 선택할 수도 있다.

[0172] 모든 배지 성분들을 열처리 (1.5 bar 및 121℃에서 20 분) 또는 멸균 여과로 멸균시킨다. 이 성분들을 한꺼번에 멸균하거나, 필요에 따라 따로따로 멸균할 수 있다. 모든 배지 성분들은 배양 초기부터 존재하거나, 경우에 따라 연속적으로 또는 배치식으로 (batchwise) 첨가될 수 있다.

[0173] 배양 조건은 각 실험마다 따로 정의된다. 온도는 15℃와 45℃ 사이의 범위여야 한다. 온도는 일정하게 유지하거나 실험하는 동안 변경할 수 있다. 배지의 pH는 5 내지 8.5의 범위, 바람직하게는 약 7.0이어야 하며, 배지에 완충액을 첨가하여 유지시킬 수 있다. 이러한 목적으로 사용할 수 있는 완충액의 예로는 인산 칼륨 완충액

등이 있다. MOPS, HEPES, ACES 등과 같은 합성 완충액을 대안적으로 사용하거나 동시에 사용할 수 있다. 또한, 배양하는 동안 NaOH 또는 NH_4OH를 첨가하여 배양물의 pH를 일정하게 유지시킬 수도 있다. 효모 추출물 등의 복합 배지 성분이 사용되는 경우, 많은 복합 화합물들은 완충 성능이 높기 때문에, 추가의 완충액에 대한 요구를 감소시킬 수 있다. 미생물 배양에 발효기를 사용하는 경우, pH는 암모니아 기체를 사용하여 제어할 수도 있다.

[0174] 인큐베이션 시간 범위는 통상적으로 수 시간 내지 수 일이다. 이 시간은 브로스 (broth)에 축적되는 생성물의 양이 최대가 되도록 선택한다. 개시한 배양 실험을 상이한 크기의 마이크로타이터 플레이트, 유리관, 유리 플라스크 또는 유리 또는 금속 발효기 등의 다양한 용기에서 수행할 수 있다. 수많은 클론을 스크리닝하기 위해서는, 미생물을 배플 (baffle)이 있거나 없는 마이크로타이터 플레이트, 유리관 또는 진탕 플라스크에서 배양해야 한다. 요구되는 성장 배지를 100 ml 진탕 플라스크에 10% (부피비) 채워 사용하는 것이 바람직하다. 이 플라스크들은 속도 범위 100-300 rpm의 회전 진탕기 상에서 진탕 (진폭 25 mm)되어야 한다. 증발에 의한 손실량은 대기를 습하게 유지함으로써 감소될 수 있다; 별법으로, 증발에 의한 손실량을 정확하게 보정해야 한다.

[0175] 유전적으로 변형된 클론을 시험하는 경우, 비변형된 대조 클론 또는 임의의 인서트가 없는 기본 플라스미드를 함유하는 대조 클론도 시험해야 한다. 30℃에서 인큐베이션한 CM 플레이트 (10 g/ℓ 글루코스, 2.5 g/ℓ NaCl, 2 g/ℓ 우레아, 10 g/ℓ 폴리펩톤, 5 g/ℓ 효모 추출물, 5 g/ℓ 육류 추출물, 22 g/ℓ 아가, 2 M NaOH을 사용하여 pH 6.8로 조정) 등과 같은 아가 플레이트 상의 세포를 OD_{600} 0.5-1.5이 되도록 배지에 접종한다. 배지 접종은 CM 플레이트로부터의 코리네박테리움 글루타미쿰 세포의 염수 현탁액을 도입하거나, 이 세균의 예비배양물을 첨가하여 수행한다.

[0176] **실시예 8: 돌연변이 단백질의 기능에 관한 시험관내 분석**

[0177] 효소의 활성 및 반응 속도 파라미터의 측정 방법은 당업계에 잘 수립되어 있다. 임의의 주어진 변이 효소의 활성 측정 실험은 야생형 효소의 비활성(比活性)에 맞추어야 하며, 당업자라면 이를 잘 수행할 수 있다. 효소의 구조, 반응 속도, 원리, 방법, 적용에 관한 구체적인 세부사항 뿐만 아니라 효소에 관한 통상적인 개요 및 많은 효소들의 활성 측정 방법의 예를 하기의 참고문헌 등에서 찾을 수 있다: 문헌 [Dixon, M., and Webb, E.C., (1979) Enzymes. Longmans: London; Fersht, (1985) Enzyme Structure and Mechanism. Freeman: New York], 문헌 [Walsh, (1979) Enzymatic Reaction Mechanisms. Freeman: SanFrancisco], 문헌 [Price, N.C., Stevens, L. (1982) Fundamentals of Enzymology. Oxford Univ. Press: Oxford], 문헌 [Boyer, P.D., ed. (1983) The Enzymes, 3rd ed. Academic Press: New York], 문헌 [Bisswanger, H., (1994) Enzymkinetik, 2nd ed. VCH: Weinheim (ISBN 3527300325)], 문헌 [Bergmeyer, H.U., Bergmeyer, J., Grassl, M., eds. (1983-1986) Methods of Enzymatic Analysis, 3rd ed., vol.I-XII, Verlag Chemie: Weinheim], 및 문헌 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1987) vol.A9, "Enzymes". VCH: Weinheim, p.352-363].

[0178] 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 세포 추출물은 상기 기재된 바와 같이 제조하였다 (Park, S.-D., et al. (1998) Mol. Cells 8, 286-294). 시스타티오닌 β-리아제를 하기와 같이 분석하였다. 분석 혼합물은 100 mM Tris-HCl (pH 8.5), 0.1 mM NADH, 1 mM L-시스타티오닌, 5 유닛의 L-락테이트 데히드로게나제, 및 적당량의 조 추출물을 함유하였다. 340 nm에서 광학적 변화를 모니터링하였다. S-(β-아미노에틸)-시스테인 (AEC) 내성에 대한 분석을 문헌 [Rossol, I. and Puehler, A. (1992) J. Bacteriol. 174, 2968-77]에 기재된 바와 같이 수행하였다. 상이한 코리네박테리움 글루타미쿰의 추출물로부터의 시스타티오닌 β-리아제 분석의 결과, 및 동일한 균주의 AEC 내성 분석의 결과를 하기 표 5에 요약하였다.

표 5

[0179]

시스타티오닌 β-리아제[a]의 발현

균주	특성	활성 ($nmolmin^{-1}mg^{-1}$)	MM[b]에서의 성장	AEC[c]에 대한 내성
씨. 글루타미쿰 ASO19E12	-	146	+	+
씨. 글루타미쿰 ASO19E12/pMT1	빈 벡터	145	+	+

씨. 글루타미쿰 ASO19E12/pSL173	*metC* 클론	797	+	++
씨. 글루타미쿰 HL457	*metC* 돌연변이체[d]	19	+	-
씨. 글루타미쿰 HL459	*metC* 돌연변이체[d]	23	+	-
이. 콜라이 JE6839	*metC* 돌연변이체	21	-	ND[e]

[a]이 효소는 1% 글루코스를 함유하는 최소 배지에서 정지기까지 성장시켜 유도됨. 세포를 수확하고, 분쇄한 후, 재료 및 방법에 기재된 대로 분석함.

[b]MCGC 최소 배지를 사용함. 플레이트에서 성장을 모니터링함.

[c]세포를 40mM S-(β-아미노에틸)-시스테인(AEC) 함유 플레이트에서 5일간 성장시킴.

[d]돌연변이체를 본 연구에서 생성함.

[e]측정하지 않음.

[0180] *metC* 클론의 시스타티오닌 β-리아제 발현능을 효소 분석에 의해 시험하였다. pSL173을 포함하는 씨. 글루타미쿰 ASO19E12 세포로부터 제조된 조 추출물을 분석하였다. 상기 플라스미드를 포함하는 세포는 빈 벡터 pMT1을 포함하는 세포에 비해 대략 5배 정도 증가된 시스타티오닌 β-리아제 활성을 나타내었는데 (표 5), 이는 유전자-투여량 효과에서 기인한 것이 분명하다. 조 추출물의 SDS-PAGE 분석으로 추정의 시스타티오닌 β-리아제 밴드가 약 M_r 41,000임을 알아냈다. 각각의 추정된 시스타티오닌 β-리아제 밴드의 강도는 상보성 및 효소 분석 데이터 (표 5)와 일치하였다. 상기 설명한 바와 같이, *metC* 유전자의 영역은 기존에 보고된 *aecD*와 거의 동일한 것으로 보였다. *aecD* 유전자는 독성 리신 유사체인 S-(β-아미노에틸)-시스테인 (AEC)에 대한 내성을 부여하는 능력에 기초하여 단리되었기 때문에, 본 발명자들은 *metC* 단백질 산물의 활성 존재 여부를 시험하였다. 표 5에 나타낸 바와 같이, 시스타티오닌 β-리아제를 과다발현하는 세포는 AEC에 대한 증가된 내성을 나타냈다. *metC* 유전자에 돌연변이가 있는 균주 (하기 참조)는 AEC에 대한 내성 표현형을 나타내는 능력을 완전히 상실하였다.

[0181] O-아세틸호모세린 술프히드릴라제에 대한 분석은 하기와 같이 수행하였다 (Belfaiza, J., et al. (1998) J. Bacteriol. 180, 250-255; Ravanel, S., M. Droux, and R. Douce (1995) Arch. Biochem. Biophys. 316, 572-584; Foglino, M. (1995) Microbiology 141, 431-439). 분석 혼합물 0.1 ml은 20 mM MOPS-NaOH (pH 7.5), 10 mM O-아세틸호모세린, 50 mM NaOH 중의 2 mM Na_2S, 및 적당량의 효소를 함유하였다. 마지막에 첨가되는 Na_2S를 첨가한 직후, 반응 혼합물 위에 50 ㎕의 광유를 덮었다. 30℃에서 30분간 인큐베이션시킨 후, 혼합물을 3분간 비등시켜 반응을 멈추게 하였다. 반응에서 생성된 호모시스테인을 이미 기재된 바와 같이 정량하였다 (Yamagata, S. (1987) Method Enzymol. 143, 478-483). 반응 혼합물 0.1 ml을 취하여, H_2O 0.1 ml, 포화 NaCl 0.6 ml, 67 mM KCN을 함유하는 1.5 M Na_2CO_3 0.1 ml, 및 2% 니트로프루시드 (nitroprusside) 0.1 ml과 혼합하였다. 실온에서 1분간 인큐베이션시킨 후, 520 nm에서 광학 밀도를 측정하였다. 부가적인 카피의 *metZ* 유전자, 예를 들어 *metZ* 유전자를 함유하는 플라스미드를 포함하는 코리네박테리움 세포는 부가적인 카피의 *metZ* 유전자가 없는 동일한 유형의 코리네박테리움 세포보다 훨씬 더 높은 *metZ* 활성을 나타냈다.

[0182] DNA에 결합하는 단백질 활성은 DNA 밴드-변위 분석법 (겔 지연 분석법 (gel retardation assays)으로 지칭되기도 함) 등과 같이 잘 수립된 여러 방법들을 사용하여 측정할 수 있다. 상기 단백질들이 다른 분자들의 발현에 미치는 영향은 리포터 유전자 분석법 (예를 들면, 문헌 [Kolmar, H. et al. (1995) EMBO J. 14:3895-3904] 및 이 문헌에서 인용한 참고 문헌에 기재된 바와 같음)을 사용하여 측정할 수 있다. β-갈락토시다제 등의 효소, 녹색 형광 단백질 및 기타 여러가지를 사용하는 리포터 유전자 시험 시스템은 원핵 세포 및 진핵 세포 모두에의 적용에 대해 공지되어 있으며, 잘 수립되어 있다.

[0183] 막 수송 단백질의 활성 측정은 문헌 [Gennis, R.B. (1989) "Pores, Channels and Transporters", in Biomembranes, Molecular Structure and Function, Springer: Heidelberg, p.85-137, 199-234, 및 270-322]에 기재된 기술 등에 따라 수행될 수 있다.

[0184] **실시예 9: 원하는 생성물 생산에 대한 돌연변이 단백질의 영향 분석**

[0185] 코리네박테리움 글루타미쿰에서의 유전적 변형이 원하는 화합물 (예를 들면, 아미노산)의 생산에 미치는 영향은

변형된 미생물을 적당한 조건 (예를 들면, 상기 기재한 바와 같음) 하에 배양하고, 원하는 생성물 (즉, 아미노산)의 생성 증가에 관여한 배지 성분 및(또는) 세포내 성분을 분석하여 평가할 수 있다. 이러한 분석 기술은 당업자에게 공지되어 있으며, 분광분석법, 박층크로마토그래피법, 각종 염색법, 효소적 및 미생물학적 방법, 및 고성능 액체 크로마토그래피법 등과 같은 분석용 크로마토그래피법 등이 있다 (예를 들면, 문헌 [Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol.A2, p.89-90 및 p.443-613, VCH: Weinheim (1985)], 문헌 [Fallon, A. et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol.17], 문헌 [Rehm et al. (1993) Biotechnology, vol.3, Chapter III: "Product recovery and purification", page 469-714, VCH: Weinheim], 문헌 [Belter, P.A. et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for biotechnology, John Wiley and Sons], 문헌 [Kennedy, J.F. and Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological materials, John Wiley and Sons], 문헌 [Shaeiwitz, J.A. and Henry, J.D. (1988) Biochemical separations, in: Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol.B3, Chapter 11, page 1-27, VCH: Weinheim], 및 문헌 [Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications] 참조).

[0186] 최종 발효 생성물의 측정 뿐만 아니라, 중간체 및 부산물 등과 같이 원하는 화합물의 생성에 이용된 대사 경로 중의 다른 성분들의 분석, 전체적인 화합물 생성 효율의 측정 또한 가능하다. 분석 방법으로는 배지 내의 영양분 (예를 들면, 당, 탄화수소, 질소 공급원, 인산염 및 기타 이온) 함량 측정, 생물집단 (biomass)의 조성 및 증식량 측정, 생합성 경로의 공통 대사물질의 생성 분석, 및 발효 동안에 생성된 기체 측정 등이 있다. 이러한 측정을 위한 표준 방법은 문헌 [Applied Microbial Physiology, A Practical Approach, P.M.Rhodes and P.F.Stanbury, eds., IRL Press, p.103-129, 131-163, 및 165-192 (ISBN:0199635773) 및 이 문헌에서 인용한 참고 문헌]에 약술되어 있다.

[0187] **실시예 10: 코리네박테리움 글루타미쿰 배양물로부터의 원하는 생성물 정제**

[0188] 당업계에 공지된 각종 방법을 사용하여, 코리네박테리움 글루타미쿰 세포 또는 상기 기재한 배양물의 상층액으로부터 원하는 생성물을 회수할 수 있다. 원하는 생성물이 세포로부터 분비되지 않는 경우, 배양물을 저속 원심분리하여 세포를 수거하고, 기계적인 힘 또는 초음파 등의 표준 기술로 세포를 용균시킬 수 있다. 원심분리로 세포 부스러기를 제거하고, 가용성 단백질을 함유하는 상층액 부분은 남겨 원하는 화합물의 추가의 정제에 사용한다. 코리네박테리움 글루타미쿰 세포로부터 생성물이 분비되는 경우, 배양물을 저속 원심분리하여 세포를 제거하고, 상층액 부분은 남겨 추가의 정제에 사용한다.

[0189] 상기 두 가지 정제 방법 중 임의의 방법에 의한 상층액 부분을 적당한 수지를 사용한 크로마토그래피에 적용하여, 원하는 분자는 크로마토그래피 수지 상에 남지만 샘플 중의 많은 불순물은 남지 않게 하거나, 불순물들은 수지에 남지만 원하는 분자는 남지 않게 한다. 필요에 따라, 동일하거나 상이한 크로마토그래피 수지를 사용하여 이러한 크로마토그래피 단계를 반복할 수 있다. 당업자라면, 적합한 크로마토그래피 수지를 선택하고 특정 분자의 정제에 대해 가장 효과적으로 이를 적용하는 것에 숙달되어 있을 것이다. 정제된 생성물을 여과법 또는 한외여과법으로 농축시켜, 생성물의 안정성이 최대가 되는 온도에 보관할 수 있다.

[0190] 당업계에 공지된 정제 방법은 다양하며, 상기 기재한 정제법에 제한되지 않는다. 이러한 정제 기술은 예를 들어 문헌 [Bailey, J.E. & Ollis, D.F. Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill: New York (1986)]에 기재되어 있다.

[0191] 단리된 화합물의 확인 및 순도는 당업계의 표준 기술로 평가될 수 있다. 여기에는 고성능 액체 크로마토그래피 (HPLC)법, 분광분석법, 염색법, 박층 크로마토그래피법, NIRS, 효소적 분석법, 또는 미생물학적 방법 등이 있다. 상기 분석 방법은 하기 문헌에서 검토된다: 문헌 [Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140], 문헌 [Malakhova et al. (1996) Biotekhnologiya 11:27-32], 문헌 [Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70], 문헌 [Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, (1996) vol.A27, VCH: Weinheim, p.89-90, p.521-540, p.540547, p.559-566, p.575-581 및 p.581-587], 문헌 [Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons], 및 문헌 [Fallon, A. et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol.17].

[0192] **실시예 11: 본 발명의 유전자 서열 분석**

[0193] 서열 비교 및 2 가지 서열 사이의 상동성 (%) 측정은 당업계에 공지된 기술이며, 이는 문헌 [Karlin and

Altschul (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:2264-68]의 알고리즘을 문헌 [Karlin and Altschul (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-77]에서와 같이 변형시킨 알고리즘 등의 수리적 알고리즘을 사용하여 수행할 수 있다. 상기 알고리즘을 문헌 [Altschul, et al. (1990) J. Mol. Biol. 215:403-10]의 NBLAST 및 XBLAST 프로그램 (버젼 2.0)에 도입한다. 스코어 = 100, 워드렝쓰 (wordlength) = 12의 NBLAST 프로그램으로 BLAST 뉴클레오티드를 검색하여 본 발명의 MP 핵산 분자에 상동성인 뉴클레오티드 서열을 얻을 수 있다. 스코어 = 50, 워드렝쓰 = 3의 XBLAST 프로그램으로 BLAST 단백질을 검색하여 본 발명의 MP 단백질 분자에 상동성인 아미노산 서열을 얻을 수 있다. 문헌 [Altschul et al., (1997) Nucleic Acids Res. 25 (17):3389-3402]에 기재된 바와 같이 갭 BLAST를 이용하여 비교용 갭 정렬을 얻을 수 있다. 당업자라면, BLAST 및 갭 BLAST 프로그램을 이용할 때, 분석할 구체적인 서열에 대해 프로그램 (예를 들면, XBLAST 및 NBLAST)의 파라미터를 최적화하는 방법을 알 것이다.

[0194] 서열 비교에 이용되는 수리적 알고리즘의 다른 예로는 문헌 [Meyers and Miller (1988) Comput. Appl. Biosci. 4:11-17]의 알고리즘이 있다. 이 알고리즘을 GCG 서열 정렬 소프트웨어 패키지의 일부인 ALIGN 프로그램 (버젼 2.0)에 도입한다. 아미노산 서열 비교를 위해 ALIGN 프로그램을 이용하는 경우, PAM 120 중량 잔기 표, 갭 길이 패널티 12, 및 갭 패널티 4를 사용할 수 있다. 추가의 서열 분석용 알고리즘이 당업계에 공지되어 있으며, 문헌 [Torelli and Robotti (1994) Comput. Appl. Biosci. 10:3-5]에 기재된 ADVANCE 및 ADAM., 및 문헌 [Pearson and Lipman (1988) P.N.A.S. 85:2444-8]에 기재된 FASTA를 포함한다.

[0195] 또한, 2 개의 아미노산 서열 사이의 상동성 (%) 비교는 Blosum 62 매트릭스 또는 PAM250 매트릭스, 및 갭 중량 12, 10, 8, 6, 또는 4 및 길이 중량 2, 3, 또는 4를 사용하는 GCG 소프트웨어 패키지 (http://www.gcg.com에서 이용가능함) 중의 GAP 프로그램을 사용하여 수행할 수도 있다. 2 개의 핵산 서열 사이의 상동성 (%) 비교는 갭 중량 50 및 길이 중량 3 등의 표준 파라미터로 GCG 소프트웨어 패키지 중의 GAP 프로그램을 사용하여 수행할 수 있다.

[0196] 당업계에 공지된 기술을 사용하여 본 발명의 유전자 서열과 젠뱅크 (Genbank)의 유전자 서열을 비교 분석했다 (예를 들면, 문헌 [Bexevanis and Ouellette, eds. (1998) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. John Wiley and Sons: New York] 참조). 본 발명의 유전자 서열과 젠뱅크의 유전자 서열을 3-단계 방법으로 비교했다. 제1단계에서, 본 발명의 서열 각각을 젠뱅크의 뉴클레오티드 서열에 대해 BLASTN 분석 (예를 들면, 국소 정렬 분석)하고, 추가의 분석을 위해 상위 500 개의 히트 (hit)를 남겨 두었다. 그 다음에, 상기 500 히트에 대해 FASTA 검색 (예를 들면, 서열 중 한정된 영역을 정렬하는, 조합된 국소 및 전반적 정렬 분석)을 수행했다. 이어서, GCG 소프트웨어 패키지 중의 GAP 프로그램을 사용하여 (표준 파라미터 사용), 본 발명의 각 유전자 서열을 상위 3 개의 FASTA 히트 각각에 전반적으로 정렬했다. 정확한 결과를 얻기 위해서, 젠뱅크에서 선별한 서열들의 길이를 당업계에 공지된 방법을 사용하여 해당 서열의 길이에 맞춰 조정했다. 상기 분석 결과를 표 4에 기재했다. 이렇게 얻은 데이타는 GAP (전반적) 분석 단독만을 수행하여 본 발명의 각 유전자를 젠뱅크의 참고 서열 각각과 비교하여 얻은 데이터와 동일하였으나, 상기 데이타베이스 - 광범위한 GAP (전반적) 분석과 비교할 때, 필요한 컴퓨터 이용 시간은 훨씬 감소했다. 본 발명의 서열 중 정렬이 되지 않은 것은 표 4에서 정렬 정보가 없는 컷오프 (cutoff) 값으로 나타냈다. 또한, 당업자라면, 표 4에서 GAP 정렬 상동성 (%)을 "상동성 (%) (GAP)"란 표제 하에 유럽식 숫자 포맷으로 열거하였으며, 여기서, ','는 소수점을 의미한다는 것을 이해할 것이다. 예를 들어, 이 단(段)에서 "40,345"란 값은 "40.345%"를 뜻한다.

[0197] **실시예 12: DNA 미세배열체의 제작 및 시행**

[0198] 본 발명의 서열은 DNA 미세배열체 (microarray) (DNA 배열체 (array)의 고안, 방법, 및 용도는 당업계에 공지되어 있으며, 문헌 [Schena, M. et al. (1995) Science 270:467-470], 문헌 [Wodicka, L. et al. (1997) Nature Biotechnology 15:1359-1367], 문헌 [DeSaizieu, A. et al. (1998) Nature Biotechnology 16:45-48], 및 문헌 [DeRisi, J.L. et al. (1997) Science 278:680-686)] 등에 기재되어 있음)의 제작 및 적용에 추가로 이용될 수 있다.

[0199] DNA 미세배열체는 니트로셀룰로스, 나일론, 유리, 실리콘, 또는 기타 물질로 구성된 고체 또는 유연한 지지체이다. 핵산 분자들은 이 표면에 순차적인 방식으로 부착될 수 있다. 적절하게 표지한 후, 다른 핵산 또는 핵산 혼합물을 상기 고정된 핵산 분자에 혼성화시킬 수 있고, 상기 표지를 이용하여 한정된 영역에서 혼성화된 분자들의 개별적 신호 강도를 모니터링하고 측정할 수 있다. 이 방법을 이용하면, 적용한 핵산 샘플 또는 혼합물 중의 모든 핵산 또는 선택된 핵산의 상대량 또는 절대량을 동시에 정량할 수 있다. 그러므로, DNA 미세배열체

는 대량의 (6800 개 이상) 핵산 발현의 동시 분석을 가능케한다 (예를 들면, 문헌 [Schena, M. (1996) BioEssays 18 (5):427-431] 참조).

[0200] 본 발명의 서열은 중합효소 연쇄 반응 등의 핵산 증폭 반응으로 1 종 이상의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 한정된 영역을 증폭시킬 수 있는 올리고뉴클레오티드 프라이머의 고안에 이용될 수 있다. 5' 또는 3' 올리고뉴클레오티드 프라이머 또는 적절한 링커 (linker)의 선택 및 고안으로 PCR 산물을 상기 기재한 (또한, 예를 들어 문헌 [Schena, M. et al. (1995) Science 270:467-470]에도 기재되어 있음) 지지체 매질의 표면에 공유결합으로 부착할 수 있다.

[0201] 또한, 핵산 미세배열체는 문헌 [Wodicka, L. et al. (1997) Nature Biotechnology 15:1359-1367]에 기재된 바와 같이, 계내 올리고뉴클레오티드 합성법으로 제작될 수도 있다. 사진석판법 (photolithographic method)에 따라, 정확히 한정된 영역의 매트릭스를 빛에 노출시킨다. 이로써, 빛에 불안정한 보호기가 활성화되어 뉴클레오티드 첨가가 일어나지만, 빛이 차폐된 영역에는 어떠한 변형도 일어나지 않는다. 그 후의 보호 및 광 활성화 사이클에 의해 한정된 위치에서 상이한 올리고뉴클레오티드가 합성된다. 본 발명의 유전자의 작은 한정 영역을 미세배열체 상에서의 고상 올리고뉴클레오티드 합성법으로 합성할 수 있다.

[0202] 샘플 또는 뉴클레오티드 혼합물에 존재하는 본 발명의 핵산 분자는 미세배열체와 혼성화될 수 있다. 이러한 핵산 분자들은 표준 방법에 따라 표지될 수 있다. 간략하게, 동위원소 또는 형광 표지한 뉴클레오티드를 예를 들어, 역전사 동안 또는 DNA 합성 동안 혼입하여 핵산 분자 (예를 들면, mRNA 분자 또는 DNA 분자)를 표지한다. 표지된 핵산을 미세배열체에 혼성화되는 방법은 문헌 (예를 들어, 문헌 [Schena, M. et al. (1995) 상기 문헌], 문헌 [Wodicka, L. et al. (1997), 상기 문헌] 및 문헌 [DeSaizieu A. et al. (1998), 상기 문헌])에 기재되어 있다. 혼성화된 분자의 검출 및 정량화 방법은 혼입된 특정 표지에 따라 달라진다. 방사성 표지는 예를 들어, 문헌 [Schena, M. et al. (1995) 상기 문헌]에 기재된 방법으로 검출할 수 있고, 형광 표지는 예를 들어, 문헌 [Shalon et al. (1996) Genome Research 6:639-645]의 방법으로 검출할 수 있다.

[0203] 상기 기재한 바와 같이, 본 발명의 서열을 DNA 미세배열체 기술에 적용하면 상이한 균주의 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 다른 코리네박테리아를 비교 분석할 수 있다. 예를 들어, 개개의 전사체 프로필에 기초한 균주들 사이의 변이체 연구 및 병원성, 생산성 및 스트레스 내성 등과 같은 특정 및(또는) 원하는 균주 특성에 중요한 유전자의 확인은 핵산 배열법으로 용이해진다. 또한, 핵산 배열 기술을 사용하여, 발효 반응 과정 동안 본 발명의 유전자 발현 프로필을 비교할 수 있다.

[0204] **실시예 13: 세포내 단백질 집단의 동력학(動力學) 분석 (프로테오믹스)**

[0205] 본 발명의 유전자, 조성물, 및 방법을 '프로테오믹스 (proteomics)'라 지칭되는, 단백질 집단의 상호작용 및 동력학 연구에 적용할 수 있다. 관심 단백질 집단에는 코리네박테리움 글루타미쿰의 전체 단백질 집단 (예를 들면, 다른 생물의 단백질 집단과의 비교시), 특정 환경 조건 또는 대사 조건 (예를 들면, 발효동안, 고온 또는 저온에서, 또는 높은 pH 또는 낮은 pH) 하에서 활성인 단백질 집단, 또는 성장 및 발생의 특정 시기 동안 활성인 단백질 집단 등이 있으나 이에 제한되는 것은 아니다.

[0206] 겔 전기영동법 등의 각종 공지된 기술로 단백질 집단을 분석할 수 있다. 세포내 단백질은 용균 또는 추출 등으로 얻을 수 있고, 다양한 전기영동 기술을 사용하여 서로 분리해낼 수 있다. 소듐 도데실 술페이트 (sodium dodecyl sulfate) 폴리아크릴아미드 겔 전기영동 (SDS-PAGE)은 단백질들을 주로 이들의 분자량에 따라 분리한다. 등전점 포커싱 (isoelectric focusing) 폴리아크릴아미드 겔 전기영동법 (IEF-PAGE)은 단백질들을 그들의 등전점에 따라 분리한다 (아미노산 서열 뿐만 아니라 그 단백질의 번역후 변형체도 분리해냄을 의미함). 또한, 더욱 바람직한 단백질 분석법은 2D-겔 전기영동법으로 공지된, IEF-PAGE 및 SDS-PAGE 둘 다의 연속 병행법이다 (예를 들면, 문헌 [Hermann et al. (1998) Electrophoresis 19:3217-3221], 문헌 [Fountoulakis et al. (1998) Electrophoresis 19:1193-1202], 문헌 [Langen et al. (1997) Electrophoresis 18:1184-1192], 문헌 [Antelmann et al. (1997) Electrophoresis 18:1451-1463]에 기재되어 있음). 또한, 모세관 겔 전기영동법 등과 같이 당업계에 공지된 다른 분리 기술을 이용하여 단백질을 분리할 수도 있다.

[0207] 이러한 방법으로 분리된 단백질을 염색 또는 표지 등의 표준 기술로 가시화할 수 있다. 적당한 염색약은 당업계에 공지되어 있으며, 쿠마시 브릴리안트 블루, 실버 염색약, 또는 시프로 루비 (Sypro Ruby) (Molecular Probes 제품) 등과 같은 형광 염료 등이 있다. 방사성 표지된 아미노산 또는 기타의 단백질 전구체 (예를 들면, ^{35}S-메티오닌, ^{35}S-시스테인, ^{14}C-표지된 아미노산, ^{15}N-아미노산, $^{15}NO_3$ 또는 $^{15}NH_4^+$ 또는 ^{13}C-표지된 아미노산)를 코리네박테리움 글루타미쿰 배지에 포함시키면, 세포로부터의 단백질을 분리해내기 전에 이들을 표지할

수 있다. 유사하게, 형광 표지를 이용할 수 있다. 이렇게 표지된 단백질을 상기 기재한 기술에 따라 추출, 단리 및 분리할 수 있다.

[0208] 상기 기술로 가시화된 단백질은 사용된 염료 또는 표지의 양을 측정하여 더욱 분석될 수 있다. 주어진 단백질의 양은 광학적 방법 등을 이용하여 정량적으로 측정할 수 있고, 동일 겔 또는 다른 겔 중의 다른 단백질 양과 비교할 수 있다. 광학적 비교법, 분광법, 이미지 스캐닝 및 겔 분석, 또는 사진용 필름 및 스크린의 사용 등을 통해 겔 상의 단백질을 비교할 수 있다. 상기 기술들은 당업계에 공지되어 있다.

[0209] 임의의 주어진 단백질이 무엇인지 결정하기 위해, 직접적인 서열분석법 또는 다른 표준 기술을 이용할 수 있다. 예를 들면, N- 및(또는) C-말단 아미노산 서열분석법 (예를 들면, 에드만 분해법) 및 질량 분광분석법 (특히, MALDI 또는 ESI 기술 (예를 들면, 문헌 [Langen et al. (1997) Electrophoresis 18:1184-1192] 참조))을 이용할 수 있다. 이러한 기술들을 사용하여, 본원에서 제공되는 단백질 서열을 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질 확인에 사용할 수 있다.

[0210] 상기 방법으로 얻은 정보를 사용하여 각종 생물학적 조건 (예를 들면, 상이한 생물, 발효 시점, 배지 조건, 또는 서로간의 상이한 환경 (biotope))으로부터의 상이한 샘플들 사이에서 단백질 존재 여부, 활성 또는 변형의 양상들을 비교할 수 있다. 상기 실험 단독으로 또는 다른 기술들과 병행하여 얻어진 데이타는 주어진 상태 (예를 들면, 대사 상태)에서 각종 생물의 반응 비교, 정밀화학물질을 생성하는 균주의 생산성 증가, 또는 정밀화학물질의 생성 효율 증가 등 여러가지 목적을 위해 적용할 수 있다.

[0211] **실시예 14: 중합효소 연쇄반응 (PCR)을 이용한 유전자의 클로닝**

[0212] 유전자는, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 다른 균주의 서열에 상동성인 뉴클레오티드 서열, 및 당업계에 공지된 제한효소 인식 부위를 포함하는 특정 올리고뉴클레오티드를 이용하여 증폭될 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Maniatis, T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989]에 기재된 바와 같음). 이들 올리고뉴클레오티드는 DNA 중합효소 (예를 들어, 티. 아쿠아티쿠스 (*T. aquaticus*) DNA 중합효소, 피. 푸리오수스 (*P. furiosus*) DNA 중합효소 또는 피. 우에세이 (*P. woesei*) DNA 중합효소) 및 dNTP를 이용하여 제조자에 의해 설명된 바와 같이 적당한 완충액 중에서 상기 언급한 균주의 염색체 일부를 함유하는 특정 DNA 단편을 증폭하는 데 사용될 수 있다.

[0213] 상기 언급한 유전자의 코딩 영역에 함유되지 않는 적당한 상류 및 하류 영역을 포함하는 RXA00657로부터의 코딩 서열과 같은 유전자 단편은 상기 언급한 기술을 이용하여 증폭될 수 있다. 더욱이, 이들 단편은 혼입되지 않은 올리고뉴클레오티드 및 뉴클레오티드로부터 정제될 수 있다. DNA 제한효소는 미국 특허 제4,649,119호 (Sinskey 등)에 언급된 벡터에 DNA를 라이게이션시키기 위해 사용될 수 있는 말단을 생성하는 상보적 효소 또는 상용성 효소로 분해된 벡터에 DNA 단편을 라이게이션시키기 위해 사용될 수 있는 돌출된 말단을 생성하는 데 사용될 수 있으며, 씨. 글루타미쿰 및 관련 브레비박테리움 종 (예를 들어, 락토레프멘툼)의 유전자 조작을 위한 기술 (Yoshihama et al., J. Bacteriol. 162: 591-597 (1985); Katsumata et al., J. Bacteriol. 159: 306-311 (1984); 및 Santamaria et al., J. Gen. Microbiol. 130: 2237-2246 (1984))에 사용될 수 있다. RXA00657의 상류 DNA 서열, 코딩 영역 서열 및 하류 영역의 조작을 위한 프라이머로서 사용되는 올리고뉴클레오티드는 하기와 같았다:

[0214] TCGGGTATCCGCGCTACACTTAGA (서열 121);

[0215] GGAAACCGGGGCATCGAAACTTA (서열 122).

[0216] 코리네박테리움 글루타미쿰의 염색체 DNA 200 ng을, 2.5 U의 Pfu 터보-중합효소 (상표명, Pfu Turbo-Polymerase)(Stratagene™) 및 200 μM의 dNTP 뉴클레오티드를 함유하는 100 ㎕의 반응 부피 중에서 주형으로 사용하였다. PCR은 하기 온도/시간 프로토콜을 이용하여 PCR-싸이클러 (상표명, PCR-Cycler)(Perkin Elmer 2400™)에서 수행하였다:

[0217] 1 주기: 94℃ 2분;

[0218] 20 주기: 94℃ 1분, 52℃ 1분, 72℃ 1.5분;

[0219] 1 주기: 72℃ 5분.

[0220] 결과의 증폭된 DNA 단편으로부터 제거된 프라이머 및 결과의 단편을 pBS KS (Stratagene™)의 평활 말단 EcoR V

부위에 클로닝하였다. 이 단편을 제한효소 BamH I/Xho I 으로의 분해로 절단하여, BamH I 및 Sal I 으로 분해된 벡터 pB에 라이게이션시켰다 (서열 125). 결과의 벡터는 pB RXA00657이라 불리운다.

[0221] 결과의 재조합 벡터는, 예를 들어 문헌 [Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Maniatis, T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989]에 기재된 표준 기술을 이용하여 분석할 수 있으며, 상기 언급한 기술을 이용하여 씨. 글루타미쿰으로 전달될 수 있다.

[0222] 코리네박테리움 균주 (ATCC 13286)를 기재된 바와 같이 형질전환을 위해 처리하였다. 씨. 글루타미쿰의 형질전환은 프로토플라스트 (protoplast) 형질전환법 (Kastsumata, R. et al. (1984) J. Bacteriol. 159306-311), 전기천공법 (Liebl, E. et al. (1989) FEMS Microbiol. Letters, 53:399-303), 및 특별한 벡터가 사용되는 경우에는 접합 (예를 들어, 문헌 [Schaefer, A. et al. (1990) J. Bacteriol. 172:1663-1666]에 기재된 바와 같음)에 의해 수행할 수 있다. 또한, 씨. 글루타미쿰으로부터의 플라스미드를 제조 (당업계에 공지된 표준 방법 이용)하여 이를 이. 콜라이에 형질전환시킴으로써, 씨. 글루타미쿰에 대한 셔틀 벡터를 이. 콜라이에 전달하는 것도 가능하다. 이 형질전환 단계는 표준 방법을 이용하여 수행할 수 있으나, Mcr-결핍 이. 콜라이 균주, 예를 들어 NM522 (Gough & Murray (1983) J. Mol. Biol. 166:1-19)를 이용하는 것이 유리하다.

[0223] 코리네박테리움 글루타미쿰 균주 (ATCC 13286)와 같은 박테리아 균주의 형질전환은 상기 언급한 RXA00657 (서열 6)의 DNA 영역을 함유하는 플라스미드 pB를 이용하여 수행하였으며, 다른 경우에는 핵산의 부가 삽입이 없는 벡터 pB (서열 125)로 수행하였다.

[0224] 결과의 균주를, NaOH로 pH 6.8로 조정된 CM-배지 (10 g/ℓ 글루코스, 2.5 g/ℓ NaCl, 2.0 g/ℓ 우레아, 10 g/ℓ 박토 펩톤 (Difco/Becton Dicinson/Sparks USA™), 5 g/ℓ 효모 추출물 (Difco/Becton Dicinson/Sparks USA™), 5 g/ℓ 육즙 (Difco/Becton Dicinson/Sparks USA™), 22 g/ℓ 아가 (Difco/Becton Dicinson/Sparks USA™) 및 15 μg/ml 카나마이신 술페이트 (Serva, Germany))에 플레이팅하여 단리하였다.

[0225] 상기 언급한 아가 배지로부터 단리한 균주를, 격벽이 없는 100 ml 용량의 진탕 플라스크에 들어있는 100 g/ℓ 수크로스, 50 g/ℓ $(NH_4)_2SO_4$, 2.5 g/ℓ NaCl, 2.0 g/ℓ 우레아, 10 g/ℓ 박토 펩톤 (Difco/Becton Dicinson/Sparks USA), 5 g/ℓ 효모 추출물 (Difco/Becton Dicinson/Sparks USA), 5 g/ℓ 육즙 (Difco/Becton Dicinson/Sparks USA) 및 25 g/ℓ $CaCO_3$ (Riedel de Haen, Germany)를 함유하는 액체 배지 10 ml에 접종하였다. NaOH를 사용하여 배지의 pH를 6.8로 조정하였다.

[0226] 균주를 30℃에서 48시간 동안 배양하였다. 에펜도르프 (Eppendorf™) 미세원심분리기에서 12,000 rpm으로 20초 동안 원심분리하여 배양액의 상층액을 준비하였다. 액체 상층액을 희석하여 아미노산 분석 (이 측정을 위한 표준 방법은 문헌 [Applied Microbial Physiology, A Practical Approach, P.M. Rhodes and P.F. Stanbury, eds., IRL Press, p. 103-129; 131-163; 및 165-192 (ISBN: 0199635773)] 및 이 문헌에 인용된 참고문헌에 약술되어 있음)을 수행하였다.

[0227] 그 결과를 하기 표 6에 나타내었다.

표 6

[0228]

균주 ATCC 13286	함유된 플라스미드	pB	pB RXA00657
생성된 리신 (g/ℓ)		13.5	14.93
선택도 (리신의 mol/소비된 사카로스의 mol)		0.235	0.25

[0229] **등가물**

[0230] 당업자는 본원에 기재된 본 발명의 특정 실시양태에 대한 많은 등가물을 알고 있거나, 또는 통상적인 실험 이외의 다른 실험없이도 이를 확인할 수 있을 것이다. 이러한 등가물은 하기의 청구항에 포함되는 것이다.

포함된 유전자

리신 생합성

핵산 서열번호	아미노산 서열번호	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종결	기능
5	**6**	**RXA00657**				아미노산 생합성 조절 인자
7	8	RXA02229	GR00653	2793	3617	디아미노피멜레이트 에피머라제 (EC 5.1.1.7)
9	10	RXS02970				아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
11	12	F RXA01009	GR00287	4714	5943	아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
13	14	RXC02390				리신 대사에 관여하는 막 관통 단백질
15	16	RXC01796				리신 대사에 관여하는 막 결합 단백질
17	18	RXC01207				리신 및 트레오닌 대사에 관여하는 세포질성 단백질
19	20	RXC00657				리신 대사에 관여하는 전사 조절 인자
21	22	RXC00552				리신 대사에 관여하는 세포질성 단백질

리신 생합성

핵산 서열번호	아미노산 서열번호	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종결	기능
23	24	RXA00534	GR00137	4758	3496	아스파르토키나아제 알파 및 베타 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
25	26	RXA00533	GR00137	3469	2438	아스파르테이트-세미알데히드 데히드로게나제 (EC 1.2.1.11)
27	28	RXA02843	GR00842	543	4	2,3,4,5-테트라히드로피리딘-2-카르복실레이트 N-숙시닐트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.117)
29	30	RXA02022	GR00613	2063	3169	숙시닐-디아미노피멜레이트 데숙시닐라제 (EC 3.5.1.18)
31	32	RXA00044	GR00007	3458	4393	디히드로디피콜리네이트 신타아제 (EC 4.2.1.52)
33	34	RXA00863	GR00236	896	1639	디히드로디피콜리네이트 리덕타제 (EC 1.3.1.26)
35	36	RXA00864	GR00236	1694	2443	추정의 2,3-디히드로디피콜리네이트 N-C6-리아제 (고리화) (EC 4.3.3.-) - 코리네박테리움 글루타미쿰
37	38	RXA02843	GR00842	543	4	2,3,4,5-테트라히드로피리딘-2-카르복실레이트 N-숙시닐트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.117)
39	40	RXN00355	VV0135	31980	30961	메소-디아미노피멜레이트 D-데히드로게나제
41	42	F RXA00352	GR00068	861	4	메소-디아미노피멜레이트 D-데히드로게나제 (EC 1.4.1.16)
43	44	RXA00972	GR00274	3	1379	디아미노피멜레이트 데카르복실라제 (EC 4.1.1.20)
45	46	RXA02653	GR00752	5237	7234	디아미노피멜레이트 데카르복실라제 (EC 4.1.1.20)
47	48	RXA01393	GR00408	4249	3380	리신 방출 조절 인자 단백질
49	50	RXA00241	GR00036	5443	6945	L-리신 수송 단백질
51	52	RXA01394	GR00408	4320	5018	리신 방출 단백질
53	54	RXA00865	GR00236	2647	3549	디히드로디피콜리네이트 신타아제 (EC 4.2.1.52)

표 1a

[0231]

표 1b

메티오닌 및 S-메티오닌의 대사

핵산 서열번호 1	아미노산 서열 번호 2	확인 코드	로터그	NT 개시	NT 종결	기능
3	4	**metZ or met C**				O-아세틸호모세린 숲프히드랄라제 (EC 4.2.99.10)
69	70	RXA00115	GR00017	5359	4313	시스타티오닌-γ-리아제
71	72	RXN00403	VV0086	70041	68911	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.31)
73	74	F RXA00403	GR00088	723	1832	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.11)
75	76	RXS03158	GR00038	2404	1811	시스타티오닌 감마-신타아제 (EC 4.2.99.9)
77	78	F RXA00254	GR00726	3085	2039	시스타티오닌 감마-신타아제 (EC 4.2.99.9)
79	80	RXA02532				시스타티오닌 감마-신타아제 (EC 4.2.99.9)
81	82	RXS03159				시스타티오닌 감마-신타아제 (EC 4.2.99.9)
83	84	F RXA02768	GR00770	1919	2521	5-메틸테트라히드로폴레이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (메티오닌 신테타제)
85	86	RXA00216	GR00032	16286	15297	5-메틸테트라히드로폴레이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
87	94	RXA02197	GR00645	4552	4025	5-메틸테트라히드로폴레이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
89	90	RXN02198	VV0302	9228	11726	5-메틸테트라히드로폴레이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
91	91	F RXA02198	GR00646	2483	6	5-메틸테트라히드로폴레이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
93	94	RXN03074	VV0042	2238	1741	S-아데노실메티오닌:2-데메틸메나퀴논 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.-.-)

핵산 서열번호 55	아미노산 서열 번호 56	확인 코드	로터그	NT 개시	NT 종결	기능
		RXS02021				2,3,4,5-테트라히드로피리딘-2-카르복실레이트 N-숙시닐트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.117)
57	58	RXS02157				아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
59	60	RXC00733				리신 대사에 관여하는 ABC 수송체 ATP-결합 단백질
61	62	RXC00861				리신 대사에 관여하는 단백질
63	64	RXC00866				리신 대사에 관여하는 ZN-의존성 히드롤라제
65	66	RXC02095				리신 대사에 관여하는 ABC 수송체 ATP-결합 단백질
67	68	RXC03185				리신 대사에 관여하는 단백질

[0232]

표 1c

S-2 아데노실메티오닌 (SAM) 생합성

핵산 서열번호	아미노산 서열 번호	확인 코드	콜티그	NT 개시	NT 종결	기능
95	96	F RXA02906	GR10044	1142	645	S-아데노실메티오닌:2-데메틸메나퀴논 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.-)
97	98	RXN00132	VV0124	3612	5045	아데노실호모시스테이나제 (EC 3.3.1.1)
99	100	F RXA00132	GR00020	7728	7624	아데노실호모시스테이나제 (EC 3.3.1.1)
101	102	F RXA01371	GR00398	2339	3634	아데노실호모시스테이나제 (EC 3.3.1.1)
103	104	RXN02085				5-메틸테트라하드로프테로일트리글루타메이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
105	106	F RXA02085	GR00629	3496	5295	5-메틸테트라하드로프테로일트리글루타메이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
107	108	F RXA02086	GR00629	5252	5731	5-메틸테트라하드로프테로일트리글루타메이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
109	110	RXN02648				5-메틸테트라하드로프테로일트리글루타메이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
111	112	F RXA02648	GR00751	5254	4730	5-메틸테트라하드로프테로일트리글루타메이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
113	114	F RXA02658	GR00752	14764	15447	5-메틸테트라하드로프테로일트리글루타메이트--호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
115	116	RXC02238				S-아데노실메티오닌, 퓨린 및 퍄토테네이트 대사에 관여하는 단백질
117	118	RXC00128				피리미딘 및 아데노실 호모시스테인 대사에 관여하는 탱글 단백질

핵산 서열번호	아미노산 서열 번호	확인 코드	콜티그	NT 개시	NT 종결	기능
119	120	RXA02240	GR00654	7160	8380	S-아데노실메티오닌 신테타제 (EC 2.5.1.6)

[0233]

표 2a

겐뱅크로부터 확인된 유전자

겐뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
A09073	ppg	포스포에놀 피루베이트 카르복실라제	Bachmann, B. et al. "DNA fragment coding for phosphoenolpyruvat corboxylase, recombinant DNA carrying said fragment, strains carrying the recombinant DNA and method for producing L-amininо acids using said strains," Patent: EP 0358940-A 3 03/21/90
A45579, A45581, A45583, A45585 A45587			Moeckel, B. et al. "Production of L-isoleucine by means of recombinant micro-organisms with deregulated threonine dehydratase," Patent: WO 9519442-A 5 07/20/95
AB003132	murC; ftsQ; ftsZ	트레오닌 데하드라타제	Kobayashi, M. et al. "Cloning, sequencing, and characterization of the ftsZ gene from coryneform bacteria," *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 236(2):383-388 (1997)
AB015023	murC; ftsQ		Wachi, M. et al. "A murC gene from Coryneform bacteria," *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 51(2):223-228 (1999)
AB018530	dtsR		Kimura, E. et al. "Molecular cloning of a novel gene, dtsR, which rescues the detergent sensitivity of a mutant derived from *Brevibacterium lactofermentum*," *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 60(10):1565-1570 (1996)
AB018531	dtsR1; dtsR2		
AB020624	murI	D-글루타메이트 라세미제	
AB023377	tkt	트랜스케톨라제	
AB024708	gltB; gltD	글루타민 2-옥소글루타레이트 아미노트랜스퍼라제의 큰 서브유닛 및 작은 서브유닛	
AB025424	acn	아코니타제	
AB027714	rep	복제 단백질	
AB027715	rep; aad	복제 단백질; 아미노글리코시드 아데닐트랜스퍼라제	
AF005242	argC	N-아세틸글루타메이트-5-세미알데히드 데히드로게나제	
AF005635	glnA	글루타민 신테타제	
AF030405	hisF	시클라제	
AF030520	argG	아르기니노숙시네이트 신테타제	
AF031518	argF	오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제	

[0234]

표 2b

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
AF036932	aroD	3-데히드로퀴네이트 데히드라타제	
AF038548	pyc	피루베이트 카르복실라제	
AF038651	dciAE; apt; rel	디펩티드-결합 단백질; 아데닌 포스포리보실트랜스퍼라제; GTP 피로포스포키나아제	Wehmeier, L. et al. "The role of the Corynebacterium glutamicum rel gene in (p)ppGpp metabolism," *Microbiology*, 144:1853-1862 (1998)
AF041436	argR	아르기닌 레프레서	
AF045998	impA	이노시톨 모노포스페이트 포스파타제	
AF048764	argH	아르기니노숙시네이트 리아제	
AF049897	argC; argJ; argB; argD; argF; argR; argG; argH	N-아세틸글루타밀포스페이트 리덕타제; 오르니틴 아세틸트랜스퍼라제; N-아세틸글루타메이트 키나아제; 아세틸오르니틴 트랜스아미나제; 오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제; 아르기닌 레프레서; 아르기니노숙시네이트 신타아제; 아르기니노숙시네이트 리아제	
AF050109	inhA	에노일-아실 캐리어 단백질 리덕타제	
AF050166	hisG	ATP 포스포리보실트랜스퍼라제	
AF051846	hisA	포스포리보실포름이미노-5-아미노-1-포스포리보실 -4-이미다졸카르복스아미드 이소머라제	
AF052652	metA	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제	Park, S. et al. "Isolation and analysis of metA, a methionine biosynthetic gene encoding homoserine acetyltransferase in Corynebacterium glutamicum," *Mol. Cells*, 8(3):286-294 (1998)
AF053071	aroB	데히드로퀴네이트 신테타제	
AF060558	hisH	글루타민 아미도트랜스퍼라제	
AF086704	hisE	포스포리보실-ATP-피로포스포히드롤라제	
AF114233	aroA	5-에놀피루빌쉬키메이트 3-포스페이트 신타아제	
AF116184	panD	L-아스파테이트-알파-데카르복실라제 전구체	Dusch, N. et al. "Expression of the Corynebacterium glutamicum panD gene encoding L-aspartate-alpha-decarboxylase leads to pantothenate overproduction in Escherichia coli," *Appl. Environ. Microbiol.*, 65(4)1530-1539 (1999)

[0235]

표 2c

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
AF124518	aroD; aroE	3-데히드로퀴나제; 쉬키메이트 데히드로게나제	
AF124600	aroC; aroK; aroB; pepQ	코리스메이트 신타아제; 쉬키메이트 키나아제; 3-데히드로퀴니트 신타아제; 추정의 세포질성 펩티다제	
AF145897	inhA		
AF145898	inhA		
AJ001436	ectP	엑토인, 글리신 베타인, 프롤린의 수송	Peter, H. et al. "Corynebacterium glutamicum is equipped with four secondary carriers for compatible solutes: Identification, sequencing, and characterization of the proline/ectoine uptake system, ProP, and the ectoine/proline/glycine betaine carrier, EctP." *J. Bacteriol.*, 180(22):6005-6012 (1998)
AJ004934	dapD	테트라히드로디피콜리네이트 숙시닐라제 (불완전)	Wehrmann, A. et al. "Different modes of diaminopimelate synthesis and their role in cell wall integrity: A study with Corynebacterium glutamicum," *J. Bacteriol.*, 180(12):3159-3165 (1998)
AJ007732	ppc; secG; amt; ocd; soxA	포스포에놀피루베이트-카르복실라제; ?; 고친화도 암모늄 유입 단백질; 추정의 오르니틴-사클로데카르복실라제; 사르코신 옥시다제	
AJ010319	ftsY; glnB, glnD; srp; amtP	세포 분열에 관여; PII 단백질; 우리딜릴트랜스퍼라제 (우리딜릴-제거 효소); 신호 인식 입자; 저친화도 암모늄 유입 단백질	Jakoby, M. et al. "Nitrogen regulation in Corynebacterium glutamicum; Isolation of genes involved in biochemical characterization of corresponding proteins," *FEMS Microbiol.*, 173(2):303-310 (1999)
AJ132968	cat	클로람페니콜 아세틸 트랜스퍼라제	
AJ224946	mqo	L-말레이트: 퀴논 옥시도 리덕타제	Molenaar, D. et al. "Biochemical and genetic characterization of the membrane-associated malate dehydrogenase (acceptor) from Corynebacterium glutamicum," *Eur. J. Biochem.*, 254(2):395-403 (1998)
AJ238250	ndh	NADH 데히드로게나제	
AJ238703	porA	포린	Lichtinger, T. et al. "Biochemical and biophysical characterization of the cell wall porin of Corynebacterium glutamicum: The channel is formed by a low molecular mass polypeptide," *Biochemistry*, 37(43):15024-15032 (1998)
D17429		전위 인자 IS31831	Vertes et al."Isolation and characterization of IS31831, a transposable element from Corynebacterium glutamicum," *Mol. Microbiol.*, 11(4):739-746 (1994)

[0236]

표 2d

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
D84102	odhA	2-옥소글루타레이트 데히드로게나제	Usuda, Y. et al. "Molecular cloning of the Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium lactofermentum AJ12036) odhA gene encoding a novel type of 2-oxoglutarate dehydrogenase," *Microbiology*, 142:3347-3354 (1996)
E01358	hdh; hk	호모세린 데히드로게나제; 호모세린 키나아제	Katsumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine," Patent: JP 1987232392-A 1 10/12/87
E01359		호모세린 키나아제 유전자 개시 코돈의 상류	Katsumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine," Patent: JP 1987232392-A 2 10/12/87
E01375		트립토판 오페론	
E01376	trpL, trpE	리더 펩티드; 안트라닐레이트 신타아제	Matsui, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan," Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87
E01377		트립토판 오페론의 프로모터 및 오퍼레이터 영역	Matsui, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan," Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87
E03937		바이오틴-신타아제	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment containing gene capable of coding biotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992278088-A 1 10/02/92
E04040		디아미노 펠라르곤산 아미노트랜스퍼라제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and desthiobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04041		데스티오바이오틴신테타제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and desthiobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04307		플라봄 아스파타제	Kurusu, Y. et al. "Gene DNA coding aspartase and utilization thereof," Patent: JP 1993030977-A 1 02/09/93
E04376		이소시트르산 리아제	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04377		이소시트르산 리아제 N-말단 단편	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04484		프레페네이트 데히드라타제	Sotouchi, N. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation," Patent: JP 1993076352-A 2 03/30/93
E05108		아스파토키나아제	Fugono, N. et al. "Gene DNA coding Aspartokinase and its use," Patent: JP 1993184366-A 1 07/27/93

[0237]

표 2e

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
E05112		디히드로-디피코리네이트 신테타제	Hatakeyama, K. et al. "Gene DNA coding dihydrodipicolinic acid synthetase and its use," Patent: JP 1993184371-A 1 07/27/93
E05776		디아미노피멜산 데히드로게나제	Kobayashi, M. et al. "Gene DNA coding Diaminopimelic acid dehydrogenase and its use," Patent: JP 1993284970-A 1 11/02/93
E05779		트레오닌 신타아제	Kohama, K. et al. "Gene DNA coding threonine synthase and its use," Patent: JP 1993284972-A 1 11/02/93
E06110		프레페네이트 데히드라타제	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06111		돌연변이 프레페네이트 데히드라타제	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06146		아세토히드록시 산 신테타제	Inui, M. et al. "Gene capable of coding Acetohydroxy acid synthetase and its use," Patent: JP 1993344893-A 1 12/27/93
E06825		아스파토키나아제	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E06826		돌연변이 아스파토키나아제 알파 서브유닛	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E06827		돌연변이 아스파토키나아제 알파 서브유닛	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E07701	secY		Homno, N. et al. "Gene DNA participating in integration of membraneous protein to membrane," Patent: JP 1994169780-A 1 06/21/94
E08177		아스파토키나아제	Sato, Y. et al. "Genetic DNA capable of coding Aspartokinase released from feedback inhibition and its utilization," Patent: JP 1994261766-A 1 09/20/94
E08178, E08179, E08180, E08181, E08182		피드백 억제-관련 아스파토키나아제	Sato, Y. et al. "Genetic DNA capable of coding Aspartokinase released from feedback inhibition and its utilization," Patent: JP 1994261766-A 1 09/20/94
E08232		아세토히드록시 산 이소메로리덕타제	Inui, M. et al. "Gene DNA coding acetohydroxy acid isomeroreductase," Patent: JP 1994277067-A 1 10/04/94
E08234	secE		Asai, Y. et al. "Gene DNA coding for translocation machinery of protein," Patent: JP 1994277073-A 1 10/04/94
E08643		FT 아미노트랜스퍼라제 및 데스티오바이오틴 신테타제 프로모터 영역	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95

[0238]

표 2f

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
E08646		바이오틴 신테타제	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08649		아스파타제	Kohama, K. et al "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031478-A 1 02/03/95
E08900		디히드로디피콜리네이트 리덕타제	Madori, M. et al. "DNA fragment containing gene coding Dihydrodipicolinate acid reductase and utilization thereof," Patent: JP 1995075578-A 1 03/20/95
E08901		디아미노피멜산 데카르복실라제	Madori, M. et al. "DNA fragment containing gene coding Diaminopimelic acid decarboxylase and utilization thereof," Patent: JP 1995075579-A 1 03/20/95
E12594		세린 히드록시메틸트랜스퍼라제	Hatakeyama, K. et al. "Production of L-trypophan," Patent: JP 1997028391-A 1 02/04/97
E12760, E12759, E12758		트랜스포자제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12764		아르기닐-tRNA 신테타제; 디아미노피멜산 데카르복실라제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12767		디히드로디피콜린산 신테타제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12770		아스파토키나아제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12773		디히드로디피콜린산 리덕타제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E13655		글루코스-6-포스페이트 데히드로게나제	Hatakeyama, K. et al. "Glucose-6-phosphate dehydrogenase and DNA capable of coding the same," Patent: JP 1997224661-A 1 09/02/97
L01508	IlvA	트레오닌 데히드라타제	Moeckel, B. et al. "Functional and structural analysis of the threonine dehydratase of Corynebacterium glutamicum," *J. Bacteriol.*, 174:8065-8072 (1992)
L07603	EC 4.2.1.15	3-데옥시-D-아라비노헵툴로소네이트-7-포스페이트 신타아제	Chen, C. et al. "The cloning and nucleotide sequence of Corynebacterium glutamicum 3-deoxy-D-arabinoheptulosonate-7-phosphate synthase gene," *FEMS Microbiol Lett.*, 107:223-230 (1993)
L09232	IlvB; ilvN; ilvC	아세토히드록시 산 신타아제 큰 서브유닛; 아세토히드록시 산 신타아제 작은 서브유닛; 아세토히드록시 산 이소메로리덕타제	Keilhauer, C. et al. "Isoleucine synthesis in Corynebacterium glutamicum: molecular analysis of the ilvB-ilvN-ilvC operon," *J. Bacteriol.*, 175(17):5595-5603 (1993)

[0239]

표 2g

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
L18874	PtsM	포스포에놀피루베이트 당 포스포트랜스퍼라제	Fouet, A et al. "Bacillus subtilis sucrose-specific enzyme II of the phosphotransferase system: expression in Escherichia coli and homology to enzymes II from enteric bacteria," *PNAS USA*, 84(24):8773-8777 (1987); Lee, J.K. et al. "Nucleotide sequence of the gene encoding the Corynebacterium glutamicum mannose enzyme II and analyses of the deduced protein sequence," *FEMS Microbiol. Lett.*, 119(1-2):137-145 (1994)
L27123	aceB	말레이트 신타아제	Lee, H-S. et al. "Molecular characterization of aceB, a gene encoding malate synthase in Corynebacterium glutamicum," *J. Microbiol. Biotechnol.*, 4(4):256-263 (1994)
L27126		피루베이트 키나아제	Jetten, M. S. et al. "Structural and functional analysis of pyruvate kinase from Corynebacterium glutamicum," *Appl. Environ. Microbiol.*, 60(7):2501-2507 (1994)
L28760	aceA	이소시트레이트 리아제	
L35906	dtxr	디프테리아 독소 레프레서	Oguiza, J.A. et al. "Molecular cloning, DNA sequence analysis, and characterization of the Corynebacterium diphtheriae dtxR from Brevibacterium lactofermentum," *J. Bacteriol.*, 177(2):465-467 (1995)
M13774		프레페네이트 데히드라타제	Follettie, M.T. et al. "Molecular cloning and nucleotide sequence of the Corynebacterium glutamicum pheA gene," *J. Bacteriol.*, 167:695-702 (1986)
M16175	5S rRNA		Park, Y-H. et al. "Phylogenetic analysis of the coryneform bacteria by 56 rRNA sequences," *J. Bacteriol.*, 169:1801-1806 (1987)
M16663	trpE	안트라닐레이트 신타아제, 5' 말단	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of Brevibacterium lactofermentum, a glutamic-acid-producing bacterium," *Gene*, 52:191-200 (1987)
M16664	trpA	트립토판 신타아제, 3'말단	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of Brevibacterium lactofermentum, a glutamic-acid-producing bacterium," *Gene*, 52:191-200 (1987)
M25819		포스포에놀피루베이트 카르복실라제	O'Regan, M. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the Phosphoenolpyruvate carboxylase-coding gene of Corynebacterium glutamicum ATCC13032," *Gene*, 77(2):237-251 (1989)
M85106		23S rRNA 유전자 삽입 서열	Roller, C. et al. "Gram-positive bacteria with a high DNA G+C content are characterized by a common insertion within their 23S rRNA genes," *J. Gen. Microbiol.*, 138:1167-1175 (1992)

[0240]

표 2h

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
M85107, M85108		23S rRNA 유전자 삽입 서열	Roller, C. et al. "Gram-positive bacteria with a high DNA G+C content are characterized by a common insertion within their 23S rRNA genes," *J. Gen. Microbiol.*, 138:1167-1175 (1992)
M89931	aecD; brnQ; yhbw	베타 C-S 리아제; 분지쇄 아미노산 유입 캐리어; 가상 단백질 yhbw	Rossol, I. et al. "The Corynebacterium glutamicum aecD gene encodes a C-S lyase with alpha, beta-elimination activity that degrades aminoethylcysteine," *J. Bacteriol.*, 174(9):2968-2977 (1992); Tauch, A. et al. "Isoleucine uptake in Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 is directed by the brnQ gene product," *Arch. Microbiol.*, 169(4):303-312 (1998)
S59299	trp	리더 유전자 (프로모터)	Herry, D.M. et al. "Cloning of the trp gene cluster from a tryptophan-hyperproducing strain of Corynebacterium glutamicum: identification of a mutation in the trp leader sequence," *Appl. Environ. Microbiol.*, 59(3):791-799 (1993)
U11545	trpD	안트라닐레이트 포스포리보실트랜스퍼라제	O'Gara, J.P. and Dunican, L.K. (1994) Complete nucleotide sequence of the Corynebacterium glutamicum ATCC 21850 tpD gene." Thesis, Microbiology Department, University College Galway, Ireland
U13922	cglIM; cglIR; cglIIR	추정의 II 형 5-시토신 메틸트랜스퍼라제; 추정의 II 형 제한효소; 추정의 I 형 또는 III 형 제한효소	Schafer, A. et al. "Cloning and characterization of a DNA region encoding a stress-sensitive restriction system from Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 and analysis of its role in intergeneric conjugation with Escherichia coli," *J. Bacteriol.*, 176(23):7309-7319 (1994); Schafer, A. et al. "The Corynebacterium glutamicum cglIM gene encoding a 5-cytosine in an McrBC-deficient Escherichia coli strain," *Gene*, 203(2):95-101 (1997)
U14965	recA		
U31224	ppx		Ankri, S. et al. "Mutations in the Corynebacterium glutamicumproline biosynthetic pathway: A natural bypass of the proA step," *J. Bacteriol.*, 178(15):4412-4419 (1996)
U31225	proC	L-프롤린: NADP+ 5-옥시도리덕타제	Ankri, S. et al. "Mutations in the Corynebacterium glutamicumproline biosynthetic pathway: A natural bypass of the proA step," *J. Bacteriol.*, 178(15):4412-4419 (1996)
U31230	obg; proB; unkdh	?;감마 글루타밀키나아제; D-이성질체 특이적 2-히드록시산 데히드로게나제와 유사	Ankri, S. et al. "Mutations in the Corynebacterium glutamicumproline biosynthetic pathway: A natural bypass of the proA step," *J. Bacteriol.*, 178(15):4412-4419 (1996)

[0241]

표 2i

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
U31281	bioB	바이오틴 신타아제	Serebriskii, I.G., "Two new members of the bio B superfamily: Cloning, sequencing and expression of bio B genes of Methylobacillus flagellatum and Corynebacterium glutamicum," *Gene*, 175:15-22 (1996)
U35023	thtR; accBC	티오술페이트 설퍼트랜스퍼라제; 아실 CoA 카르복실라제	Jager, W. et al. "A Corynebacterium glutamicum gene encoding a two-domain protein similar to biotin carboxylases and biotin-carboxyl-carrier proteins," *Arch. Microbiol.*, 166(2):76-82 (1996)
U43535	cmr	다중약물 내성 단백질	Jager, W. et al. "A Corynebacterium glutamicum gene conferring multidrug resistance in the heterologous host Escherichia coli," *J. Bacteriol.*, 179(7):2449-2451 (1997)
U43536	clpB	열 충격 ATP-결합 단백질	
U53587	aphA-3	3'5''-아미노글리코시드 포스포트랜스퍼라제	
U89648		히스티딘 생합성에 관여하는 코리네박테리움 글루타미쿰의 미확인 서열, 부분 서열	
X04960	trpA; trpB; trpC; trpD; trpE; trpG; trpL	트립토판 오페론	Matsui, K. et al. "Complete nucleotide and deduced amino acid sequences of the Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon," *Nucleic Acids Res.*, 14(24):10113-10114 (1986)
X07563	lys A	DAP 데카르복실라제 (메소-디아미노피멜레이트 데카르복실라제, EC 4.1.1.20)	Yeh, P. et al. "Nucleic sequence of the lysA gene of Corynebacterium glutamicum and possible mechanisms for modulation of its expression," *Mol. Gen. Genet.*, 212(1):112-119 (1988)
X14234	EC 4.1.1.31	포스포에놀피루베이트 카르복실라제	Eikmanns, B.J. et al. "The Phosphoenolpyruvate carboxylase gene of Corynebacterium glutamicum: Molecular cloning, nucleotide sequence, and expression," *Mol. Gen. Genet.*, 218(2):330-339 (1989); Lepiniec, L. et al. "Sorghum Phosphoenolpyruvate carboxylase gene family: structure, function and molecular evolution," *Plant. Mol. Biol.*, 21 (3):487-502 (1993)
X17313	fda	프럭토스-비스포스페이트 알도라제	Von der Osten, C.H. et al. "Molecular cloning, nucleotide sequence and fine-structural analysis of the Corynebacterium glutamicum fda gene: structural comparison of C. glutamicum fructose-1, 6-biphosphate aldolase to class I and class II aldolases," *Mol. Mtcrobiol.*,
X53993	dapA	L-2, 3-디하드로디피콜리네이트 신테타제 (EC 4.2.1.52)	Bonmassie, S. et al. "Nucleic sequence of the dapA gene from Corynebacterium glutamicum," *Nucleic Acids Res.*, 18(21):6421 (1990)

[0242]

표 2j

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
X54223		AttB-관련 부위	Cianciotto, N. et al. "DNA sequence homology between att B-related sites of Corynebacterium diphtheriae, Corynebacterium ulcerans, Corynebacterium glutamicum, and the attP site of lambdacorynephage," *FEMS Microbiol, Lett.*, 66:299-302 (1990)
X54740	argS; lysA	아르기닐-tRNA 신테타제; 디아미노피멜레이트 데카르복실라제	Marcel, T. et al. "Nucleotide sequence and organization of the upstream region of the Corynebacterium glutamicum lysA gene," *Mol. Microbiol.*, 4(11):1819-1830 (1990)
X55994	trpL; trpE	추정의 리더 펩티드; 안트라닐레이트 신타아제 성분 I	Heery, D.M. et al. "Nucleotide sequence of the Corynebacterium glutamicum trpE gene," *Nucleic Acids Res.*, 18(23):7138 (1990)
X56037	thrC	트레오닌 신타아제	Han, K.S. et al. "The molecular structure of the Corynebacterium glutamicum threonine synthase gene," *Mol. Microbiol.*, 4(10):1693-1702 (1990)
X56075	attB-related site	부착 부위	Cianciotto, N. et al. "DNA sequence homology between att B-related sites of Corynebacterium diphtheriae, Corynebacterium ulcerans, Corynebacterium glutamicum, and the attP site of lambdacorynephage," *FEMS Microbiol, Lett.*, 66:299-302 (1990)
X57226	lysC-alpha; lysC-beta; asd	아스파토키나아제-알파 서브유닛; 아스파토키나아제-베타 서브유닛; 아스파테이트 베타-세미알데히드 데히드로게나제	Kalinowski, J. et al. "Genetic and biochemical analysis of the Aspartokinase from Corynebacterium glutamicum," *Mol. Microbiol.*, 5(5):1197-1204 (1991); Kalinowski, J. et al. "Aspartokinase genes lysC alpha and lysC beta overlap and are adjacent to the aspertate beta-semialdehyde dehydrogenase gene asd in Corynebacterium glutamicum," *Mol. Gen. Genet.*, 224(3):317-324 (1990)
X59403	gap;pgk; tpi	글리세르알데히드-3-포스페이트; 포스포글리세레이트 키나아제; 트리오스포스페이트 이소머라제	Eikmanns, B.J. "Identification, sequence analysis, and expression of a Corynebacterium glutamicum gene cluster encoding the three glycolytic enzymes glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, 3-phosphoglycerate kinase, and triosephosphate isomeras," *J. Bacteriol.*, 174(19):6076-6086 (1992)
X59404	gdh	글루타메이트 데히드로게나제	Bormann, E.R. et al. "Molecular analysis of the Corynebacterium glutamicum gdh gene encoding glutamate dehydrogenase," *Mol. Microbiol.*, 6(3):317-326 (1992)
X60312	lysI	L-리신 퍼미아제	Seep-Feldhaus, A.H. et al. "Molecular analysis of the Corynebacterium glutamicum lysI gene involved in lysine uptake," *Mol. Microbiol.*, 5(12):2995-3005 (1991)

[0243]

표 2k

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
X66078	cop1	Ps1 단백질	Joliff, G. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the csp1 gene encoding PS1, one of the two major secreted proteins of Corynebacterium glutamicum: The deduced N-terminal region of PS1 is similar to the Mycobacterium antigen 85 complex," *Mol. Microbiol.*, 6(16):2349-2362 (1992)
X66112	glt	시트레이트 신타아제	Eikmanns, B.J. et al. "Cloning sequence, expression and transcriptional analysis of the Corynebacterium glutamicum gltA gene encoding citrate synthase," *Microbiol.*, 140:1817-1828 (1994)
X67737	dapB	디하드로디피콜리네이트 리덕타제	
X69103	csp2	표면층 단백질 PS2	Peyret, J.L. et al. "Characterization of the cspB gene encoding PS2, an ordered surface-layer protein in Corynebacterium glutamicum," *Mol. Microbiol.*, 9(1):97-109 (1993)
X69104		IS3 관련 삽입 요소	Bonamy, C. et al. "Identification of IS1206, a Corynebacterium glutamicum IS3-related insertion sequence and phylogenetic analysis," *Mol. Microbiol.*, 14(3):571-581 (1994)
X70959	leuA	이소프로필말레이트 신타아제	Patek, M. et al. "Leucine synthesis in Corynebacterium glutamicum: enzyme activities, structure of leuA, and effect of leuA inactivation on lysine synthesis," *Appl. Environ. Microbiol.*, 60(1):133-140 (1994)
X71489	icd	이소시트레이트 데히드로게나제 (NADP+)	Eikmanns, B.J. et al. "Cloning sequence analysis, expression, and inactivation of the Corynebacterium glutamicum icd gene encoding isocitrate dehydrogenase and biochemical characterization of the enzyme," *J. Bacteriol.*, 177(3):774-782 (1995)
X72855	GDHA	글루타메이트 데히드로게나제 (NADP+)	
X75083, X70584	mtrA	5-메틸트립토판 내성	Heery, D.M. et al. "A sequence from a tryptophan-hyperproducing strain of Corynebacterium glutamicum encoding resistance to 5-methyltryptophan," *Biochem. Biophys. Res. Commun.*, 201(3):1255-1262 (1994)
X75085	recA		Fitzpatrick, R. et al. "Construction and characterization of recA mutant strains of Corynebacterium glutamicum and Brevibacterium lactofermentum," *Appl. Microbiol. Biotechmol.*, 42(4):575-580 (1994)
X75504	aceA; thiX	부분 이소시트레이트 리아제; ?	Reinscheid, D.J. et al. "Characterization of the isocitrate lyase gene from Corynebacterium glutamicum and biochemical analysis of the enzyme," *J. Bacteriol.*, 176(12):3474-3483 (1994)
X76875		ATPase 베타-서브유닛	Ludwig, W. et al. "Phylogenetic relationships of bacteria based on comparative sequence analysis of elongation factor Tu and ATP-synthase beta-subunit genes," *Antonie Van Leeuwenhoek*, 64:285-305 (1993)

[0244]

표 21

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
X77034	tuf	신장 인자 Tu	Ludwig, W. et al. "Phylogenetic relationships of bacteria based on comparative sequence analysis of elongation factor Tu and ATP-synthase beta-subunit genes," *Antonie Van Leeuwenhoek*, 64:285-305 (1993)
X77384	recA		Billman-Jacobe, H. "Nucleotide sequence of a recA gene from Corynebacterium glutamicum," *DNA Seq.*, 4(6):403-404 (1994)
X78491	aceB	말레이트 신타아제	Reinscheid, D.J. et al. "Malate synthase from Corynebacterium glutamicum pta-ack operon encoding phosphotransacetylase: sequence analysis," *Microbiology*, 140:3099-3108 (1994)
X80629	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Rainey, F.A. et al. "Phylogenetic analysis of the genera Rhodococcus and Norcardia and evidence for the evolutionary origin of the genus Norcardia from within the radiation of Rhodococcus species," *Microbiol.*, 141:523-528 (1995)
X81191	gluA; gluB; gluC; gluD	글루타메이트 유입 시스템	Kronemeyer, W. et al. "Structure of the gluABCD cluster encoding the glutamate uptake system of Corynebacterium glutamicum," *J. Bacteriol.*, 177(5):1152-1158 (1995)
X81379	dapE	숙시닐디아미노피멜레이트 데숙시닐라제	Wehrmann, A. et al. "Analysis of different DNA fragments of Corynebacterium glutamicum complementing dapE of Escherichia coli," *Microbiology*, 40:3349-56 (1994)
X82061	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Ruimy, R. et al. "Phylogeny of the genus Corynebacterium deduced from analyses of small-subunit ribosomal DNA sequences," *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 45(4):740-746 (1995)
X82928	asd; lysC	아스파테이트-세미알데하드 데하드로게나제; ?	Serebrijski, I. et al. "Multicopy suppression by asd gene and osmotic stress-dependent complementation by heterologous proA in proA mutants," *J. Bacteriol.*, 177(24):7255-7260 (1995)
X82929	proA	감마-글루타밀 포스페이트 리덕타제	Serebrijski, I. et al. "Multicopy suppression by asd gene and osmotic stress-dependent complementation by heterologous proA in proA mutants," *J. Bacteriol.*, 177(24):7255-7260 (1995)
X84257	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Pascual, C. et al. "Phylogenetic analysis of the genus Corynebacterium based on 16S rRNA gene sequences," *Int. J. Syst. Bacteriol.*, 45(4):724-728 (1995)
X85965	aroP; dapE	방향족 아미노산 퍼미아제; ?	Wehrmann et al. "Functional analysis of sequences adjacent to dapE of C. glutamicum proline reveals the presence of aroP, which encodes the aromatic amino acid transporter," *J. Bacteriol.*, 177(20):5991-5993 (1995)

[0245]

표 2m

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
X86157	argB; argC; argD; argF; argJ	아세틸글루타메이트 키나아제; N-아세틸-감마-글루타밀-포스페이트 리덕타제; 아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제; 오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제; 글루타메이트 N-아세틸트랜스퍼라제	Sakanyan, V. et al. "Genes and enzymes of the acetyl cycle of arginine biosynthesis in Corynebacterium glutamicum: enzyme evolution in the early steps of the arginine pathway," *Microbiology*, 142:99-108 (1996)
X89084	pta; ackA	포스페이트 아세틸트랜스퍼라제; 아세테이트 키나아제	Reinscheid, D.J. et al. "Cloning, sequence analysis, expression and inactivation of the Corynebacterium glutamicum pta-ack operon encoding phosphotransacetylase and acetate kinase," *Microbiology*, 145:503-513 (1999)
X89850	attB	부착 부위	Le Marrec, C. et al. "Genetic characterization of site-specific integration functions of phi AAU2 infecting "Arthrobacter aureus C70," *J. Bacteriol.*, 178(7):1996-2004 (1996)
X90356		프로모터 단편 F1	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90357		프로모터 단편 F2	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90358		프로모터 단편 F10	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90359		프로모터 단편 F13	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90360		프로모터 단편 F22	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90361		프로모터 단편 F34	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90362		프로모터 단편 F37	Patek, M. et al. "Promoters from C. glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)

[0246]

표 2n

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
X90363		프로모터 단편 F45	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90364		프로모터 단편 F64	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90365		프로모터 단편 F75	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90366		프로모터 단편 PF101	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90367		프로모터 단편 PF104	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X90368		프로모터 단편 PF109	Patek, M. et al. "Promoters from Corynebacterium glutamicum: cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," *Microbiology*, 142:1297-1309 (1996)
X93513	amt	암모늄 수송 시스템	Siewe, R.M. et al. "Functional and genetic characterization of the (methyl) ammonium uptake carrier of Corynebacterium glutamicum," *J. Biol. Chem.*, 271(10):5398-5403 (1996)
X93514	betP	글리신 베타인 수송 시스템	Peter, H. et al. "Isolation, characterization, and expression of the Corynebacterium glutamicum betP gene, encoding the transport system for the compatible solute glycine betaine," *J. Bacteriol.*, 178(17):5229-5234 (1996)
X95649	orf4		Patek, M. et al. "Identification and transcriptional analysis of the dapB-ORF2-dapA-ORF4 operon of Corynebacterium glutamicum, encoding two enzymes involved in L-lysine synthesis," *Biotechnol. Lett.*, 19:1113-1117 (1997)
X96471	lysE; lysG	리신 방출 단백질; 리신 방출 조절 인자 단백질	Vrljic, M. et al. "A new type of transporter with a new type of cellular function: L-lysine export from Corynebacterium glutamicum," *Mol. Microbiol.*, 22(5):815-826 (1996)
X96580	panB; panC; xylB	3-메틸-2-옥소부타노에이트 히드록시메틸트랜스퍼라제; 판토에이트-베타-알라닌 리가아제; 크실룰로키나아제	Sahm, H. et al. "D-pantothenate synthesis in Corynebacterium glutamicum and use of panBC and genes encoding L-valine synthesis for D-pantothenate overproduction," *Appl. Environ. Microbiol.*, 65(5):1973-1979 (1999)

[0247]

표 20

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
X96962			
X99289		삽입 시열 IS1207 및 트랜스포자제	Ramos, A. et al. "Cloning, sequencing and expression of the gene encoding elongation factor P in the amino-acid producer Brevibacterium lactofermentum (Corynebacterium glutamicum ATCC 13869)," *Gene*, 198:217-222 (1997)
Y00140	thrB	호모세린 키나아제	Mateos, L.M. et al. "Nucleotide sequence of the homoserine kinase (hrB) gene of the Brevibacterium lactofermentum," *Nucleic Acids Res.*, 15(9):3922 (1987)
Y00151	ddh	메소-디아미노피멜레이트 D-데히드로게나제 (EC 1.4.1.16)	Ishino, S. et al. "Nucleotide sequence of the meso-diaminopimelate D-dehydrogenase gene from Corynebacterium glutamicum," *Nucleic Acids Res.*, 15(9):3917 (1987)
Y00476	thrA	호모세린 데히드로게나제	Mateos, L.M. et al. "Nucleotide sequence of the homoserine dehydrogenase (thrA) gene of the Brevibacterium lactofermentum," *Nucleic Acids Res.*, 15(24):10598 (1987)
Y00546	hom; thrB	호모세린 데히드로게나제; 호모세린 키나아제	Peoples, O.P. et al. "Nucleotide sequence and fine structural analysis of the Corynebacterium glutamicum hom-thrB operon," *Mol. Microbiol.*, 2(1):63-72 (1988)
Y08964	murC; ftsQ/divD; ftsZ	UPD-N-아세틸뮤라메이트-알라닌 리기아제; 분열 개시 단백질 또는 세포 분열 단백질; 세포 분열 단백질	Honrubia, M.P. et al. "Identification, characterization, and chromosomal organization of the ftsZ gene from Brevibacterium lactofermentum," *Mol. Gen. Genet.*, 259(1):97-104 (1998)
Y09163	putP	고친화도 프롤린 수송 시스템	Peter, H. et al. "Isolation of the putP gene of Corynebacterium glutamicumproline and characterization of a low-affinity uptake system for compatible solutes," *Arch. Microbiol.*, 168(2):143-151 (1997)
Y09548	pyc	피루베이트 카르복실라제	Peters-Wendisch, P.G. et al. "Pyruvate carboxylase from Corynebacterium glutamicum: characterization, expression and inactivation of the pyc gene," *Microbiology*, 144:915-927 (1998)
Y09578	leuB	3-이소프로필말레이트 데히드로게나제	Patek, M. et al. "Analysis of the leuB gene from Corynebacterium glutamicum," *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 50(1):42-47 (1998)
Y12472		부착 부위 박테리오파지 Phi-16	Moreau, S. et al. "Site-specific integration of corynephage Phi-16: The construction of an integration vector," *Microbiol.*, 145:539-548 (1999)
Y12537	proP	프롤린/엑토인 유입 시스템 단백질	Peter, H. et al. "Corynebacterium glutamicum is equipped with four secondary carriers for compatible solutes: Identification, sequencing, and characterization of the proline/ectoine uptake system, ProP, and the ectoine/proline/glycine betaine carrier, EctP," *J. Bacteriol.*, 180(22):6005-6012 (1998)

[0248]

표 2p

젠뱅크™ 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
Y13221	glnA	글루타민 신테타제 I	Jakoby, M. et al. "Isolation of Corynebacterium glutamicum glnA gene encoding glutamine synthetase I," *FEMS Microbiol. Lett.*, 154(1):81-88 (1997)
Y16642	lpd	디하드로리포아미드 데히드로게나제	
Y18059		부착 부위 코리네파지 304L	Moreau, S. et al. "Analysis of the integration functions of φ304L: An integrase module among corynephages," *Virology*, 255(1):150-159 (1999)
Z21501	argS; lysA	아르기닐-tRNA 신테타제; 디아미노피멜레이트 데카르복실라제 (부분)	Oguiza, J.A. et al. "A gene encoding arginyl-tRNA synthetase is located in the upstream region of the lysA gene in Brevibacterium lactofermentum: Regulation of argS-lysA cluster expression by arginine," *J. Bacteriol.*, 175(22):7356-7362 (1993)
Z21502	dapA; dapB	디하드로디피콜리네이트 신타아제; 디하드로디피콜리네이트 리덕타제	Pisabarro, A. et al. "A cluster of three genes (dapA, orf2, and dapB) of Brevibacterium lactofermentum encodes dihydrodipicolinate reductase, and a third polypeptide of unknown function," *J. Bacteriol.*, 175(9):2743-2749 (1993)
Z29563	thrC	트레오닌 신타아제	Malumbres, M. et al. "Analysis and expression of the thrC gene of the encoded threonine synthase," *Appl. Environ. Microbiol.*, 60(7)2209-2219 (1994)
Z46753	16S rDNA	16S 리보솜 RNA 에 대한 유전자	
Z49822	sigA	SigA 시그마 인자	Oguiza, J.A. et al "Multiple sigma factor genes in Brevibacterium lactofermentum: Characterization of sigA and sigB," *J. Bacteriol.*, 178(2):550-553 (1996)
Z49823	galE; dmR	추베 활성 UDP-갈락토스 4-에피머라제; 디프테리아 독소 조절 인자 단백질	Oguiza, J.A. et al "The galE gene encoding the UDP-galactose 4-epimerase of Brevibacterium lactofermentum is coupled transcriptionally to the dmdR gene," *Gene*, 177:103-107 (1996)
Z49824	orf1; sigB	?; SigB 시그마 인자	Oguiza, J.A. et al "Multiple sigma factor genes in Brevibacterium lactofermentum: Characterization of sigA and sigB," *J. Bacteriol.*, 178(2):550-553 (1996)
Z66534		트랜스포자제	Correia, A. et al. "Cloning and characterization of an IS-like element present in the genome of Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869," *Gene*, 170(1):91-94 (1996)

[0249] ' 이 유전자에 대한 서열은 표시된 참고문헌에 공개되어 있다. 그러나, 본 출원의 발명자들에 의해 얻어진 서열은 공개된 것보다 상당히 길다. 이는 공개된 서열이 잘못된 개시 코돈에서 시작하여, 실제 코딩 영역의 단편만을 나타내고 있는 것으로 생각된다.

표 3a

본 발명의 실시에 사용될 수 있는 코리네박테리움 및 브레비박테리움 균주

속	종	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ	
브레비박테리움	암모니아게네스	21054								
브레비박테리움	암모니아게네스	19350								
브레비박테리움	암모니아게네스	19351								
브레비박테리움	암모니아게네스	19352								
브레비박테리움	암모니아게네스	19353								
브레비박테리움	암모니아게네스	19354								
브레비박테리움	암모니아게네스	19355								
브레비박테리움	암모니아게네스	19356								
브레비박테리움	암모니아게네스	21055								
브레비박테리움	암모니아게네스	21077								
브레비박테리움	암모니아게네스	21553								
브레비박테리움	암모니아게네스	21580								
브레비박테리움	암모니아게네스	39101								
브레비박테리움	부타니쿰	21196								
브레비박테리움	디바리카툼	21792	P928							
브레비박테리움	플라붐	21474								
브레비박테리움	플라붐	21129								
브레비박테리움	플라붐	21518								
브레비박테리움	플라붐			B11474						
브레비박테리움	플라붐			B11472						
브레비박테리움	플라붐	21127								
브레비박테리움	플라붐	21128								
브레비박테리움	플라붐	21427								
브레비박테리움	플라붐	21475								
브레비박테리움	플라붐	21517								
브레비박테리움	플라붐	21528								
브레비박테리움	플라붐	21529								
브레비박테리움	플라붐			B11477						
브레비박테리움	플라붐			B11478						
브레비박테리움	플라붐	21127								
브레비박테리움	플라붐			B11474						
브레비박테리움	헤알리이	15527								
브레비박테리움	케토글루타미쿰	21004								
브레비박테리움	케토글루타미쿰	21089								
브레비박테리움	케토소레덕텀	21914								
브레비박테리움	락토페르멘툼				70					
브레비박테리움	락토페르멘툼				74					
브레비박테리움	락토페르멘툼				77					
브레비박테리움	락토페르멘툼	21798								
브레비박테리움	락토페르멘툼	21799								
브레비박테리움	락토페르멘툼	21800								
브레비박테리움	락토페르멘툼	21801								
브레비박테리움	락토페르멘툼			B11470						
브레비박테리움	락토페르멘툼			B11471						

[0250]

표 3b

속	종	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ	
브레비박테리움	락토페르멘툼	21086								
브레비박테리움	락토페르멘툼	21420								
브레비박테리움	락토페르멘툼	21086								
브레비박테리움	락토페르멘툼	31269								
브레비박테리움	리넨스	9174								
브레비박테리움	리넨스	19391								
브레비박테리움	리넨스	8377								
브레비박테리움	파라피놀리티쿰					11160				
브레비박테리움	종 (spec.)						717.73			
브레비박테리움	종						717.73			
브레비박테리움	종	14604								
브레비박테리움	종	21860								
브레비박테리움	종	21864								
브레비박테리움	종	21865								
브레비박테리움	종	21866								
브레비박테리움	종	19240								
코리네박테리움	아세토액시도필룸	21476								
코리네박테리움	아세토액시도필룸	13870								
코리네박테리움	아세토글루타미쿰			B11473						
코리네박테리움	아세토글루타미쿰			B11475						
코리네박테리움	아세토글루타미쿰	15806								
코리네박테리움	아세토글루타미쿰	21491								
코리네박테리움	아세토글루타미쿰	31270								
코리네박테리움	아세토필룸			B3671						
코리네박테리움	암모니아게네스	6872						2399		
코리네박테리움	암모니아게네스	15511								
코리네박테리움	후지오켄세	21496								
코리네박테리움	글루타미쿰	14067								
코리네박테리움	글루타미쿰	39137								
코리네박테리움	글루타미쿰	21254								
코리네박테리움	글루타미쿰	21255								
코리네박테리움	글루타미쿰	31830								
코리네박테리움	글루타미쿰	13032								
코리네박테리움	글루타미쿰	14305								
코리네박테리움	글루타미쿰	15455								
코리네박테리움	글루타미쿰	13058								
코리네박테리움	글루타미쿰	13059								
코리네박테리움	글루타미쿰	13060								
코리네박테리움	글루타미쿰	21492								
코리네박테리움	글루타미쿰	21513								
코리네박테리움	글루타미쿰	21526								
코리네박테리움	글루타미쿰	21543								
코리네박테리움	글루타미쿰	13287								
코리네박테리움	글루타미쿰	21851								
코리네박테리움	글루타미쿰	21253								
코리네박테리움	글루타미쿰	21514								
코리네박테리움	글루타미쿰	21516								
코리네박테리움	글루타미쿰	21299								

[0251]

표 3c

속	종	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ	
코리네박테리움	글루타미쿰	21300								
코리네박테리움	글루타미쿰	39684								
코리네박테리움	글루타미쿰	21488								
코리네박테리움	글루타미쿰	21649								
코리네박테리움	글루타미쿰	21650								
코리네박테리움	글루타미쿰	19223								
코리네박테리움	글루타미쿰	13869								
코리네박테리움	글루타미쿰	21157								
코리네박테리움	글루타미쿰	21158								
코리네박테리움	글루타미쿰	21159								
코리네박테리움	글루타미쿰	21355								
코리네박테리움	글루타미쿰	31808								
코리네박테리움	글루타미쿰	21674								
코리네박테리움	글루타미쿰	21562								
코리네박테리움	글루타미쿰	21563								
코리네박테리움	글루타미쿰	21564								
코리네박테리움	글루타미쿰	21565								
코리네박테리움	글루타미쿰	21566								
코리네박테리움	글루타미쿰	21567								
코리네박테리움	글루타미쿰	21568								
코리네박테리움	글루타미쿰	21569								
코리네박테리움	글루타미쿰	21570								
코리네박테리움	글루타미쿰	21571								
코리네박테리움	글루타미쿰	21572								
코리네박테리움	글루타미쿰	21573								
코리네박테리움	글루타미쿰	21579								
코리네박테리움	글루타미쿰	19049								
코리네박테리움	글루타미쿰	19050								
코리네박테리움	글루타미쿰	19051								
코리네박테리움	글루타미쿰	19052								
코리네박테리움	글루타미쿰	19053								
코리네박테리움	글루타미쿰	19054								
코리네박테리움	글루타미쿰	19055								
코리네박테리움	글루타미쿰	19056								
코리네박테리움	글루타미쿰	19057								
코리네박테리움	글루타미쿰	19058								
코리네박테리움	글루타미쿰	19059								
코리네박테리움	글루타미쿰	19060								
코리네박테리움	글루타미쿰	19185								
코리네박테리움	글루타미쿰	13286								
코리네박테리움	글루타미쿰	21515								
코리네박테리움	글루타미쿰	21527								
코리네박테리움	글루타미쿰	21544								
코리네박테리움	글루타미쿰	21492								
코리네박테리움	글루타미쿰			B8183						
코리네박테리움	글루타미쿰			B8182						
코리네박테리움	글루타미쿰			B12416						
코리네박테리움	글루타미쿰			B12417						

[0252]

표 3d

속	종	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ	기타 기원
코리네박테리움	글루타미쿰			B12418						
코리네박테리움	글루타미쿰			B11476						
코리네박테리움	글루타미쿰	21608								
코리네박테리움	릴리움		P973							
코리네박테리움	니트릴로필루스	21419				11594				
코리네박테리움	종		P4445							
코리네박테리움	종		P4446							
코리네박테리움	종	31088								
코리네박테리움	종	31089								
코리네박테리움	종	31090								
코리네박테리움	종	31090								
코리네박테리움	종	31090								
코리네박테리움	종	15954							20145	
코리네박테리움	종	21857								
코리네박테리움	종	21862								
코리네박테리움	종	21863								
코리네박테리움	글루타미쿰*									ASO19
코리네박테리움	글루타미쿰**									ASO19 E12
코리네박테리움	글루타미쿰***									HL457
코리네박테리움	글루타미쿰****									HL459

ATCC: 아메리칸 타입 컬처 콜렉션 (American Type Culture Collection, 미국 메릴랜드주 록빌 소재)

FERM: 퍼멘테이션 리서치 인스티튜트 (Fermentation Research Institute, 일본 시바 소재)

NRRL: 에이알에스 컬처 콜레션, 노던 리저날 리서치 래버러토리

(ARS Culture Collection, Northern Regional Research Laboratory, 미국 일리노이주 페오리아 소재)

CECT: 콜렉션 에스파뇰라 드 컬티보스 티보

(Coleccion Espanola de Cultivos Tipo, 스페인 발렌시아 소재)

NCIMB: 내셔날 콜렉션 오브 인더스트리 알 앤드 마린 박테리아 리미티드

(National Collection of Industrial and Marine Bacteria Ltd., 영국 애버딘 소재)

CBS: 센트라알비로 부르 쉬메컬처스 (Centraalbureau voor Schimmelcultures, 네덜란드 바안 소재)

NCTC: 내셔날 콜렉션 오브 타입 컬처스 (National Collection of Type Cultures, 영국 런던 소재)

DSMZ: 도이치 잠룽 폰 미크로오르가니스멘 운트 첼쿨투렌

(Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, 독일 브라운슈바이크 소재)

문헌 [Sugawara, H. et al. (1993) World directory of collections of cultures of microorganisms: Bacteria, fungi and yeasts (4th edn), World federation for culture collections world data center on microorganisms, Saimata, Japen] 참조.

* 씨. 글루타미쿰 (ATCC13059[d])의 리팜핀 내성 자발 돌연변이체 (Yoshihama *et al.*, 1985)

** ASO19 의 제한 결핍 변이체 (Follettie *et al.*, 1993)

*** ASO19E12 의 *metC*-붕괴 돌연변이체 (본 연구)

**** ASO19E12 의 *metC*-붕괴 돌연변이체 (본 연구)

[0253]

표 4a

정렬 결과

ID 번호	길이 (NT)	젠뱅크 히트	길이	승인번호	젠뱅크 히트의 명칭	젠뱅크 히트의 출처	% 상동성 (GAP)	기탁일
rxa00857	905	GB_BA1:AF094700	3481	AF094700	Rhodococcus sp. NO1-1 CprS and CprR genes, complete cds.	Rhodococcus sp	40,285	15-Jul-98
metz	1314	GB_BA2:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,278	23-Jun-99
metc	978	GB_BA2:CORCSLYS	2821	M89931	Corynebacterium glutamicum beta C-S lyase (aecD) and branched-chain amino acid upta	Corynebacterium glutamicum	99,591	04-JUN-1998
rxa00023	3579	GB_EST33:AI776129	483	AI776129	EST257217 tomato resistant, Cornell Lycopersicon esculentum cDNA clone cLER17D3, mRNA sequence.	Lycopersicon esculentum	40,856	29-Jun-99
		GB_EST33:AI776129	483	AI776129	EST257217 tomato resistant, Cornell Lycopersicon esculentum cDNA clone cLER17D3, mRNA sequence.	Lycopersicon esculentum	40,956	29-Jun-99
rxa00044	1059	EM_PAT:E11760	6911	E11760	Base sequence of sucrase gene.	Corynebacterium glutamicum	42,979	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
		GB_PAT:I26124	6911	I26124	Sequence 4 from patent US 5558776.	Unknown.	42,979	07-OCT-1996
		GB_BA2:ECOUW89	176185	U00006	E. coli chromosomal region from 89.2 to 92.8 minutes.	Escherichia coli	39,097	17-DEC-1993
rxa00064	1401	GB_PAT:E16763	2517	E16763	gDNA encoding aspartate transferase (AAT).	Corynebacterium glutamicum	95,429	28-Jul-99
		GB_HTG2:AC007892	134257	AC007892	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02O03 (D797) RPCI-98 02.O.3 map 98B-99B strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 113 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	31,111	2-Aug-99
		GB_HTG2:AC007892	134257	AC007892	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02O03 (D797) RPCI-98 02.O.3 map 98B-99B strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 113 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	31,111	2-Aug-99
rxa00072								
rxa00105	798	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,753	17-Jun-98
		GB_BA1:ECU29581	71128	U29581	Escherichia coli K-12 genome; approximately 63 to 64 minutes.	Escherichia coli	35,669	14-Jan-97
		GB_BA2:AE000366	10405	AE000366	Escherichia coli K-12 MG1655 section 256 of 400 of the complete genome.	Escherichia coli	35,669	12-Nov-98
rxa00106	579	GB_EST15:AA494237	367	AA494237	ng83f04.s1 NCI_CGAP_Pr6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:941407 similar to SW:DYR_LACCA P00381 DIHYDROFOLATE REDUCTASE ;, mRNA sequence.	Homo sapiens	42,896	20-Aug-97
		GB_BA2:AF161327	2021	AF161327	Corynebacterium diphtheriae histidine kinase ChrS (chrS) and response regulator ChrA (chrA) genes, complete cds.	Corynebacterium diphtheriae	40,210	9-Sep-99
		GB_PAT:AR041189	654	AR041189	Sequence 4 from patent US 5811286.	Unknown.	41,176	29-Sep-99
rxa00115	1170	GB_PR4:AC007110	148336	AC007110	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.472_J_18, complete sequence.	Homo sapiens	36,783	30-MAR-1999
		GB_HTG3:AC008537	170030	AC008537	Homo sapiens chromosome 19, clone CIT-HSPC_490E21, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 93 unordered pieces.	Homo sapiens	40,296	2-Sep-99
		GB_HTG3:AC008537	170030	AC008537	Homo sapiens chromosome 19, clone CIT-HSPC_490E21, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 93 unordered pieces.	Homo sapiens	40,296	2-Sep-99

[0254]

표 4b

rxa00116	1284	GB_BA2:AF062345	16458	AF062345	Caulobacter crescentus Sst1 (sst1), S-layer protein subunit (rsaA), ABC transporter (rsaD), membrane forming unit (rsaE), putative GDP-mannose-4,6-dehydratase (lpsA), putative acetyltransferase (lpsB), putative perosamine synthetase (lpsC), putative mannosyltransferase (lpsD), putative mannosyltransferase (lpsE), outer membrane protein (rsaF), and putative perosamine transferase (lpsE) genes, complete cds.	Caulobacter crescentus	36,235	19-OCT-1999
		GB_PAT:I18647	3300	I18647	Sequence 6 from patent US 5500353.	Unknown.	36,821	07-OCT-1996
		GB_GSS13:AQ446197	751	AQ446197	nbxb0062D16r CUGI Rice BAC Library Oryza sativa genomic clone nbxb0062D16r, genomic survey sequence.	Oryza sativa	36,124	8-Apr-99
rxa00131	732	GB_BA1:MTY20B11	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	43,571	17-Jun-98
		GB_BA1:SAR7932	15176	AJ007932	Streptomyces argillaceus mithramycin biosynthetic genes.	Streptomyces argillaceus	41,116	15-Jun-99
		GB_BA1:MTY20B11	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,726	17-Jun-98
rxa00132	1557	GB_BA1:MTY20B11	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,788	17-Jun-98
		GB_IN2:TVU40872	1882	U40872	Trichomonas vaginalis S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase gene, complete cds.	Trichomonas vaginalis	61,914	31-OCT-1996
		GB_HTG6:AC010706	169285	AC010706	Drosophila melanogaster chromosome X clone BAC R36D15 (D887) RPCI-98 36.D.15 map 13C-13E strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 74 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	51,325	22-Nov-99
rxe00145	1059	GB_BA1:MTCY2B12	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	63,365	18-Jun-98
		GB_BA1:PSEPYRBX	2273	L19649	Pseudomonas aeruginosa aspartate transcarbamoylase (pyrB) and dihydroorotase-like (pyrX) genes, complete cds's.	Pseudomonas aeruginosa	56,080	26-Jul-93
		GB_BA1:LLPYRBDNA	1468	X84262	Lleichmannii pyrB gene.	Lactobacillus leichmannii	47,514	28-Apr-97
rxa00146	1464	GB_BA1:MTCY2B12	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,714	18-Jun-98
		GB_BA1:MTCY154	13935	Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 121/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,229	17-Jun-98
		GB_BA1:MSGY154	40221	AD000002	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y154.	Mycobacterium tuberculosis	36,618	03-DEC-1996
rxe00147	1302	GB_BA1:MTCY2B12	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,527	18-Jun-98
		GB_BA1:MSGB937CS	38914	L78820	Mycobacterium leprae cosmid B937 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	59,538	15-Jun-96
		GB_BA1:PAU81259	7285	U81259	Pseudomonas aeruginosa dihydrodipicolinate reductase (dapB) gene, partial cds, carbamoylphosphate synthetase small subunit (carA) and carbamoylphosphate synthetase large subunit (carB) genes, complete cds, and FtsJ homolog (ftsJ) gene, partial cds.	Pseudomonas aeruginosa	55,396	23-DEC-1998
rxa00156	1233	GB_BA1:SC8B10	33320	AL009204	Streptomyces coelicolor cosmid 8B10.	Streptomyces coelicolor	52,666	10-Feb-99
		GB_BA2:AF002133	15437	AF002133	Mycobacterium avium strain GIR10 transcriptional regulator (mav61) gene, partial cds, aconitase (acn), invasin 1 (inv1), invasin 2 (inv2), transcriptional regulator (moxR), ketoacyl-reductase (fabG), enoyl-reductase (inhA) and ferrochelatase (mav272) genes, complete cds.	Mycobacterium avium	54,191	28-MAR-1998
		GB_BA1:D85417	7984	D85417	Propionibacterium freudenreichii hemY, hemH, hemB, hemX, hemR and hemL genes, complete cds.	Propionibacterium freudenreichii	46,867	6-Feb-99
rxa00166	783	GB_HTG3:AC008167	174223	AC008167	Homo sapiens clone NH0172O13, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,451	21-Aug-99
		GB_HTG3:AC008167	174223	AC008167	Homo sapiens clone NH0172O13, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,451	21-Aug-99
		GB_HTG4:AC010118	80605	AC010118	Drosophila melanogaster chromosome 3L 62B1 clone RPCI98-10D15, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 51 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	38,627	16-OCT-1999

[0255]

표 4c

nxa00198	672	GB_BA1:AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gltB and gltD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	92,113	13-MAR-1999		
		GB_BA1:AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gltB and gltD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	93,702	13-MAR-1999		
		GB_EST24:AI232702	528	AI232702	EST228390 Normalized rat kidney, Bento Soares Rattus sp. cDNA clone RKICF35 3' end, mRNA sequence.	Rattus sp.	34,221	31-Jan-99		
nxa00216	1113	GB_HTG2:HSDJ850E9	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Homo sapiens	37,965	03-DEC-1999		
		GB_HTG2:HSDJ850E9	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Homo sapiens	37,965	03-DEC-1999		
		GB_PR2:CNS01DSA	159400	AL121766	Human chromosome 14 DNA sequence *** IN PROGRESS *** BAC R-412H8 of RPCI-11 library from chromosome 14 of Homo sapiens (Human), complete sequence.	Homo sapiens	38,706	11-Nov-99		
nxa00219	1085	GB_HTG2:AC005079_0	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG252P22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces.	Homo sapiens	38,227	22-Nov-98		
		GB_HTG2:AC005079_1	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG252P22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces.	Homo sapiens	38,227	22-Nov-98		
		GB_HTG2:AC005079_1	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG252P22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces.	Homo sapiens	38,227	22-Nov-98		
nxa00223	1212	GB_BA1:PPEA3NIF	19771	X99584	Plasmid pEA3 nitrogen fixation genes.	Enterobacter agglomerans	48,826	2-Aug-96		
		GB_BA2:AF128444	2477	AF128444	Rhodobacter capsulatus molybdenum cofactor biosynthetic gene cluster, partial sequence.	Rhodobacter capsulatus	40,135	22-MAR-1999		
		GB_HTG4:AC010111	138938	AC010111	Drosophila melanogaster chromosome 3L/70C1 clone RPCI98-9B18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 84 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	39,527	16-OCT-1999		
nxa00229	803	GB_BA2:AF124618	1758	AF124618	Corynebacterium glutamicum 3-dehydroquinase (aroD) and shikimate dehydrogenase (aroE) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,237	18-MAY-1999		
		GB_PR3:AC004593	150221	AC004593	Homo sapiens PAC clone DJ0964C11 from 7p14-p15, complete sequence.	Homo sapiens	35,616	18-Apr-98		
		GB_HTG2:AC006907	188972	AC006907	Caenorhabditis elegans clone Y76B12, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 25 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,095	26-Feb-99		
nxa00241	1626	GB_BA1:CGLYSI	4232	X60312	C.glutamicum lysI gene for L-lysine permease.	Corynebacterium glutamicum	100,000	30-Jan-92		
		GB_HTG1:PFMAL13P1	192581	AL049180	Plasmodium falciparum chromosome 13 strain 3D7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Plasmodium falciparum	34,947	11-Aug-99		
		GB_HTG1:PFMAL13P1	192581	AL049180	Plasmodium falciparum chromosome 13 strain 3D7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Plasmodium falciparum	34,947	11-Aug-99		
nxa00282	1197	GB_IN2:EHU89655	3219	U89655	Entamoeba histolytica unconventional myosin IB mRNA, complete cds.	Entamoeba histolytica	36,496	23-MAY-1997		
		GB_IN2:EHU89655	3219	U89655	Entamoeba histolytica unconventional myosin IB mRNA, complete cds.	Entamoeba histolytica	37,544	23-MAY-1997		
nxa00266	531	GB_RO:AF016190	2939	AF016190	Mus musculus connexin-36 (Cx36) gene, complete cds.	Mus musculus	41,856	9-Feb-99		
		EM_PAT:E09719	3505	E09719	DNA encoding precursor protein of alkaline cellulase.	Bacillus sp.	34,741	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)		
nxa00278	1155	GB_PAT:E02133	3494	E02133	gDNA encoding alkaline cellulase.	Bacillus sp.	34,741	29-Sep-97		
		GB_IN1:CELK05F6	36912	AF040653	Caenorhabditis elegans cosmid K05F6.	Caenorhabditis elegans	36,843	6-Jan-98		

[0256]

표 4d

		GB_BA1:CGU43535	2531	U43535	Corynebacterium glutamicum multidrug resistance protein (cmr) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	36,658	9-Apr-97		
		GB_RO:RNU30789	3510	U30789	Rattus norvegicus clone N27 mRNA.	Rattus norvegicus	38,190	20-Aug-96		
nxa00295	1125	GB_BA2:CGU31281	1614	U31281	Corynebacterium glutamicum biotin synthase (bioB) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,111	21-Nov-96		
		GB_BA1:BRLBIOBA	1647	D14084	Brevibacterium flevum gene for biotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,489	3-Feb-99		
		GB_PAT:E03937	1005	E03937	DNA sequence encoding Brevibacterium flavum biotin-synthase.	Corynebacterium glutamicum	98,207	29-Sep-97		
nxa00323	1461	GB_BA1:MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 99/162.	Mycobacterium tuberculosis	35,615	24-Jun-99		
		GB_BA1:MSGB32CS	36404	L78818	Mycobacterium leprae cosmid B32 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	60,917	15-Jun-96		
		GB_BA1:MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 99/162.	Mycobacterium tuberculosis	44,606	24-Jun-99		
nxa00324	3258	GB_BA1:MSGB32CS	36404	L78818	Mycobacterium leprae cosmid B32 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	52,516	15-Jun-96		
		GB_BA1:MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 99/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,079	24-Jun-99		
		GB_OM:BOVELA	3242	J02717	Bovine elastin a mRNA, complete cds.	Bos taurus	39,351	27-Apr-93		
nxa00330	1566	GB_BA1:CGTHRC	3120	X56037	Corynebacterium glutamicum thrC gene for threonine synthase (EC 4.2.99.2).	Corynebacterium glutamicum	99,808	17-Jun-97		
		GB_PAT:I09078	3146	I09078	Sequence 4 from Patent WO 8809819.	Unknown.	99,617	02-DEC-1994		
		GB_BA1:BLTHRESYN	1892	Z28563	Brevibacterium lactofermentum; ATCC 13869;; DNA (genomic);.	Corynebacterium glutamicum	99,170	20-Sep-95		
nxa00335	1554	GB_BA1:CGGLNA	3686	Y13221	Corynebacterium glutamicum glnA gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	28-Aug-97		
		GB_BA2:AF005635	1690	AF005635	Corynebacterium glutamicum glutamine synthetase (glnA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,906	14-Jun-99		
		GB_BA1:MSGB27CS	36793	L78817	Mycobacterium leprae cosmid B27 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	66,345	15-Jun-96		
		GB_EST27:AI455217	624	AI455217	LD21828.3prime LD Drosophila melanogaster embryo pOT2 Drosophila	Drosophila melanogaster	34,510	09-MAR-1999		
i00347	891				melanogaster cDNA clone LD21828 3prime, mRNA sequence.					
		GB_BA2:SSU30252	2891	U30252	Synechococcus PCC7942 nucleoside diphosphate kinase and ORF2 protein genes, complete cds, ORF1 protein gene, partial cds, and neutral site I for vector use.	Synechococcus PCC7942	37,084	29-OCT-1999		
		GB_EST21:AA911262	581	AA911262	oe75a02.s1 NCI_CGAP_Lu5 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1417413 3' similar to gb:A18757 UROKINASE PLASMINOGEN ACTIVATOR SURFACE RECEPTOR, GPI-ANCHORED (HUMAN);, mRNA sequence.	Homo sapiens	37,500	21-Apr-98		
		GB_BA1:MLU15187	36138	U15187	Mycobacterium leprae cosmid L286.	Mycobacterium leprae	52,972	09-MAR-1995		
i00351	1578	GB_IN2:AC004373	72722	AC004373	Drosophila melanogaster DNA sequence (P1 DS05273 (D80)), complete sequence.	Drosophila melanogaster	46,341	17-Jul-98		
		GB_IN2:AF145653	3197	AF145653	Drosophila melanogaster clone GH08860 BcDNA.GH08860 (BcDNA.GH08860) mRNA, complete cds.	Drosophila melanogaster	49,471	14-Jun-99		
nxa00365	727	GB_BA1:AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gltB and gltD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	96,556	13-MAR-1999		
		GB_BA1:MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,496	17-Jun-98		
		GB_BA1:SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,946	16-Aug-99		
nxa00366	480	GB_BA1:AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gltB and gltD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,374	13-MAR-1999		
		GB_BA1:MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	41,333	17-Jun-98		
		GB_BA1:SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,554	16-Aug-99		

[0257]

표 4e

rxa00387	4653	GB_BA1:AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gltB and gltD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,312	13-MAR-1999		
		GB_BA1:MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 158/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,971	17-Jun-98		
		GB_BA1:SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,905	16-Aug-99		
rxa00371	1917	GB_VI:SBVORFS	7568	M89923	Sugarcane bacilliform virus ORF 1,2 and 3 DNA, complete cds.	Sugarcane bacilliform virus	35,843	12-Jun-93		
		GB_EST37:AI967505	380	AI967505	Ljimpest03-215-c10 Ljimp Lambda HybriZap two-hybrid library Lotus japonicus Lotus japonicus cDNA clone LP215-03-c10 5' similar to 60S ribosomal protein L39, mRNA sequence.	Sugarcane bacilliform virus	42,593	24-Aug-99		
		GB_IN1:CELK09H9	37881	AF043700	Caenorhabditis elegans cosmid K09H9.	Caenorhabditis elegans	34,295	22-Jan-98		
rxa00377	1245	GB_BA1:CCU13664	1678	U13664	Caulobacter crescentus uroporphyrinogen decarboxylase homolog (hemE) gene, partial cds.	Caulobacter crescentus	36,832	24-MAR-1995		
		GB_PL1:ANSDGENE	1299	Y08606	A.nidulans sD gene.	Emericella nidulans	39,803	17-OCT-1996		
		GB_GS54:AQ730303	483	AQ730303	HS_5505_B1_C04_T7A RPCI-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=1081 Col=7 Row=F, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,728	15-Jul-99		
rxa00382	1425	GB_BA1:PAHEML	4444	X82072	P.aeruginosa hemL gene.	Pseudomonas aeruginosa	54,175	18-DEC-1995		
		GB_BA1:MTY25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,143	17-Jun-98		
		GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	61,143	03-DEC-1996		
rxa00383	1467	GB_BA1:MLCB1222	34714	AL049491	Mycobacterium leprae cosmid B1222.	Mycobacterium leprae	43,961	27-Aug-99		
		GB_HTG2:AC006269	167171	AC006269	Homo sapiens chromosome 17 clone hRPK.515_E_23 map 17, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 2 ordered pieces.	Homo sapiens	35,444	10-Jun-99		
		GB_HTG2:AC007638	178053	AC007638	Homo sapiens chromosome 17 clone hRPK.515_O_17 map 17, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 8 unordered pieces.	Homo sapiens	34,821	22-MAY-1999		
rxa00391	843	GB_EST38:AW017053	613	AW017053	EST272398 Schistosoma mansoni male, Phil LoVerde/Joe Merrick Schistosoma mansoni cDNA clone SMMAS14 5' end, mRNA sequence.	Schistosoma mansoni	40,472	10-Sep-99		
		GB_PAT:AR065852	32207	AR065852	Sequence 20 from patent US 5849564.	Unknown.	38,586	29-Sep-99		
		GB_VI:AF148805	28559	AF148805	Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus ORF 68 gene, partial cds; and ORF 69, kaposin, v-FLIP, v-cyclin, latent nuclear antigen, ORF K14, v-GPCR, putative phosphonoacyloxymethylcytosine synthase, and LAMP (LAMP) genes, complete cds.	Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus	38,509	2-Aug-99		
rxa00393	1017	GB_BA1:MTY25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,308	17-Jun-98		
		GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	39,282	03-DEC-1996		
		GB_BA1:MLB1306	7782	Y13603	Mycobacterium leprae cosmid B1306 DNA.	Mycobacterium leprae	39,228	24-Jun-97		
rxa00402	623	GB_BA2:AF052652	2096	AF052652	Corynebacterium glutamicum homoserine O-acetyltransferase (metA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,572	19-MAR-1998		
		GB_BA2:AF109162	4514	AF109162	Corynebacterium diphtheriae heme uptake locus, complete sequence.	Corynebacterium diphtheriae	40,830	8-Jun-99		
		GB_BA2:AF092918	20758	AF092918	Pseudomonas alcaligenes outer membrane Xcp-secretion system gene cluster.	Pseudomonas alcaligenes	50,161	06-DEC-1998		
rxe00403	1254	GB_BA2:AF052652	2096	AF052652	Corynebacterium glutamicum homoserine O-acetyltransferase (metA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,920	19-MAR-1998		
		GB_BA1:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	52,898	23-Jun-98		
		GB_EST23:AI111288	750	AI111288	SWOvAMCAQ02A05SK Onchocerca volvulus adult male cDNA (SAVI98MLW-OvAM) Onchocerca volvulus cDNA clone SWOvAMCAQ02A05 5', mRNA sequence.	Onchocerca volvulus	37,565	31-Aug-98		

[0258]

표 4f

rxa00405	613	GB_BA1:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,259	23-Jun-99
		GB_PR4:AC005145	143678	AC005145	Homo sapiens Xp22-166-169 GSHB-523A23 (Genome Systems Human BAC library) complete sequence.	Homo sapiens	34,179	08-DEC-1998
rxa00420	1587	GB_BA1:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,169	23-Jun-99
		GB_BA1:MTY13D12	37085	Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 156/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,031	17-Jun-98
		GB_BA1:MSGY126	37164	AD000012	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y126.	Mycobacterium tuberculosis	61,902	10-DEC-1996
		GB_BA1:MSGB971CS	37566	L78821	Mycobacterium leprae cosmid B971 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,651	15-Jun-96
rxa00435	1296	GB_BA1:AFACBBTZ	2760	M63904	Alcaligenes eutrophus chromosomal transketolase (cbbTc) and phosphoglycolate phosphatase (cbbZc) genes, complete cds.	Ralstonia eutropha	38,677	27-Jul-94
		GB_HTG4:AC009541	169583	AC009541	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 25 unordered pieces.	Homo sapiens	38,335	12-OCT-1999
rxa00437	579	GB_PR4:AC005951	155450	AC005951	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.372_K_20, complete sequence.	Homo sapiens	31,738	18-Nov-98
		GB_BA1:SC2A11	22789	AL031184	Streptomyces coelicolor cosmid 2A11.	Streptomyces coelicolor	43,262	5-Aug-98
		GB_PR4:AC005951	155450	AC005951	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.372_K_20, complete sequence.	Homo sapiens	37,647	18-Nov-98
rxa00439	591	GB_BA1:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,088	23-Jun-99
		GB_PL2:AF167358	1022	AF167358	Rumex acetosa expansin (EXP3) gene, partial cds.	Rumex acetosa	46,638	17-Aug-99
		GB_HTG3:AC009120	269445	AC009120	Homo sapiens chromosome 16 clone RPCI-11_484E3, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 34 unordered pieces.	Homo sapiens	43,276	3-Aug-99
rxa00440	582	GB_BA2:SKZ86111	7860	Z86111	Streptomyces lividans rpsP, tmD, rplS, sipW, sipX, sipY, sipZ, mutT genes and 4 open reading frames.	Streptomyces lividans	43,080	27-OCT-1999
		GB_BA1:SC2E1	38962	AL023797	Streptomyces coelicolor cosmid 2E1.	Streptomyces coelicolor	42,931	4-Jun-98
		GB_BA1:SC2E1	38962	AL023797	Streptomyces coelicolor cosmid 2E1.	Streptomyces coelicolor	38,702	4-Jun-98
rxa00441	1287	GB_PR2:HS173D1	117338	AL031984	Human DNA sequence from clone 173D1 on chromosome 1p36.21-36.33.Contains ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	38,027	23-Nov-99
		GB_HTG2:HSDJ719K3	267114	AL109931	Homo sapiens chromosome X clone RP4-719K3 map q21.1-21.31, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	34,521	03-DEC-1999
		GB_HTG2:HSDJ719K3	267114	AL109931	Homo sapiens chromosome X clone RP4-719K3 map q21.1-21.31, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	34,521	03-DEC-1999
rxa00446	987	GB_BA1:SCD78	38224	AL034355	Streptomyces coelicolor cosmid D78.	Streptomyces coelicolor	56,410	26-Nov-98
		GB_HTG4:AC009367	226055	AC009367	Drosophila melanogaster chromosome 3L/76A2 clone RPCI98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 44 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	34,959	16-OCT-1999
		GB_HTG4:AC009367	226055	AC009367	Drosophila melanogaster chromosome 3L/76A2 clone RPCI98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 44 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	34,959	16-OCT-1999
rxa00448	1143	GB_PR3:AC003670	88945	AC003670	Homo sapiens 12q13.1 PAC RPCI-130F5 (Roswell Park Cancer Institute Human PAC library) complete sequence.	Homo sapiens	35,882	9-Jun-98
		GB_HTG2:AF029367	148676	AF029367	Homo sapiens chromosome 12 clone RPCI-1 130F5 map 12q13.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 156 unordered pieces.	Homo sapiens	31,373	18-OCT-1997
		GB_HTG2:AF029367	148676	AF029367	Homo sapiens chromosome 12 clone RPCI-1 130F5 map 12q13.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 156 unordered pieces.	Homo sapiens	31,373	18-OCT-1997

[0259]

표 4g

rxa00450	424	GB_HTG2:AC007824	133361	AC007824	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02L16 (D715) RPCI-98 02.L.16 map 89E-90A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 91 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,000	2-Aug-99	
		GB_HTG2:AC007824	133361	AC007824	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02L16 (D715) RPCI-98 02.L.16 map 89E-90A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 91 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,000	2-Aug-99	
		GB_EST35:AI818057	412	AI818057	wk14a08.x1 NCI_CGAP_Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2412278 3' similar to gb:Y00764 UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE 11 KD PROTEIN (HUMAN); mRNA sequence.	Homo sapiens	35,714	24-Aug-99	
rxa00461	975	GB_BA1:MLCB1779	43254	Z98271	Mycobacterium leprae cosmid B1779.	Mycobacterium leprae	39,308	8-Aug-97	
		GB_IN1:DMC86E4	29352	AL021086	Drosophila melanogaster cosmid clone 86E4.	Drosophila melanogaster	37,487	27-Apr-99	
		GB_GSS15:AQ640325	467	AQ640325	927P1-2H3.TP 927P1 Trypanosoma brucei genomic clone 927P1-2H3, genomic survey sequence.	Trypanosoma brucei	38,116	8-Jul-99	
rxa00465									
rxa00487	1692	GB_BA1:BAGUAA	3866	Y10499	B.ammoniagenes guaA gene.	Corynebacterium ammoniagenes	74,259	8-Jan-98	
		GB_BA2:U00015	42325	U00015	Mycobacterium leprae cosmid B1620.	Mycobacterium leprae	37,248	01-MAR-1994	
		GB_BA1:MTCY78	33818	Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 145/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,725	17-Jun-98	
rxa00488	1641	GB_BA1:MTCY78	33818	Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 145/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,451	17-Jun-98	
		GB_BA2:U00015	42325	U00015	Mycobacterium leprae cosmid B1620.	Mycobacterium leprae	39,178	01-MAR-1994	
		GB_BA1:SCAJ10B01	4692	AJ010801	Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for whiD and whiK loci.	Streptomyces coelicolor	60,835	17-Sep-98	
rxa00489	1245	GB_BA2:U00015	42325	U00015	Mycobacterium leprae cosmid B1620.	Mycobacterium leprae	38,041	01-MAR-1994	
		GB_HTG2:HS225E12	126464	AL031772	Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-225E12 map q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	36,766	03-DEC-1999	
		GB_HTG2:HS225E12	126464	AL031772	Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-225E12 map q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	36,766	03-DEC-1999	
rxa00533	1155	GB_BA1:CGLYS	2803	X57226	C. glutamicum lysC-alpha, lysC-beta and asd genes for aspartokinase-alpha and -beta subunits, and aspartate beta semialdehyde dehydrogenase, respectively (EC 2.7.2.4; EC 1.2.1.11).	Corynebacterium glutamicum	99,913	17-Feb-97	
		GB_BA1:CGCYSCASD	1591	X82928	C.glutamicum aspartate-semialdehyde dehydrogenase gene.	Corynebacterium glutamicum	99,221	17-Feb-97	
rxa00534	1386	GB_PAT:A07546	2112	A07546	Recombinant DNA fragment (PstI-XhoI).	synthetic construct	99,391	30-Jul-93	
		GB_BA1:CGLYS	2803	X57226	C. glutamicum lysC-alpha, lysC-beta and asd genes for aspartokinase-alpha and -beta subunits, and aspartate beta semialdehyde dehydrogenase, respectively (EC 2.7.2.4; EC 1.2.1.11).	Corynebacterium glutamicum	99,856	17-Feb-97	
		GB_BA1:CORASKD	2957	L16848	Corynebacterium flavum aspartokinase (ask), and aspartate-semialdehyde dehydrogenase (asd) genes, complete cds.	Corynebacterium flavescens	98,701	11-Jun-93	
		GB_PAT:E14514	1643	E14514	DNA encoding Brevibacterium aspartokinase.	Corynebacterium glutamicum	98,773	28-Jul-99	
	1494	GB_BA1:CGLEUA	3492	X70959	C.glutamicum gene leuA for isopropylmalate synthase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	10-Feb-99	
rxa00536		GB_BA1:MTV025	121125	AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 155/162.	Mycobacterium tuberculosis	68,003	24-Jun-99	
		GB_BA1:MTU88526	2412	U88526	Mycobacterium tuberculosis putative alpha-isopropyl malate synthase (leuA) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	66,185	26-Feb-97	

[0260]

표 4h

rxa00537	2409	GB_BA2:SCD25	41622	AL118514	Streptomyces coelicolor cosmid D25.	Streptomyces coelicolor A3(2)	63,187	21-Sep-99	
		GB_BA1:MTCY7H7A	10451	Z95618	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 39/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,401	17-Jun-98	
		GB_BA1:MTU34956	2462	U34956	Mycobacterium tuberculosis phosphoribosylformylglycinamidine synthase (purL) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	62,205	28-Jan-97	
rxa00541	792	GB_PAT:I92052	2115	I92052	Sequence 19 from patent US 5726299.	Unknown.	98,359	01-DEC-1998	
		GB_BA1:MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	62,468	24-Jun-97	
		GB_BA1:MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,814	17-Jun-98	
rxa00558	1470	GB_BA1:BAPURF	1885	X91252	B.ammoniagenes purF gene.	Corynebacterium ammoniagenes	66,095	5-Jun-97	
		GB_BA1:MLU15182	40123	U15182	Mycobacterium leprae cosmid B2266.	Mycobacterium leprae	64,315	09-MAR-1995	
		GB_BA1:MTCY7H7A	10451	Z95618	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 39/162.	Mycobacterium tuberculosis	64,863	17-Jun-98	
rxa00579	1983	GB_PAT:AR016483	2104	AR016483	Sequence 1 from patent US 5776740.	Unknown.	98,810	05-DEC-1998	
		EM_PAT:E11273	2104	E11273	DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum	98,810	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)	
		GB_PAT:E12594	2104	E:12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	98,810	24-Jun-98	
rxa00580	1425	GB_PAT:E12594	2104	E12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	99,368	24-Jun-98	
		GB_PAT:AR016483	2104	AR016483	Sequence 1 from patent US 5776740.	Unknown.	99,368	05-DEC-1998	
		EM_PAT:E11273	2104	E11273	DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum	99,368	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)	
rxa00581	1092	GB_PAT:E12594	2104	E12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	37,071	24-Jun-98	
		EM_PAT:E11273	2104	E11273	DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum	37,071	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)	
		GB_PAT:AR016483	2104	AR016483	Sequence 1 from patent US 5776740.	Unknown.	37,071	05-DEC-1998	
rxa00584	1248	GB_BA1:CGRAHPS	2570	L07603	Corynebacterium glutamicum 3-deoxy-D-arabinoheptulosonate-7-phosphate synthase gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,236	26-Apr-93	
		GB_BA1:AOPCZA361	37941	AJ223998	Amycolatopsis orientalis cosmid PCZA361.	Amycolatopsis orientalis	54,553	29-MAR-1999	
		GB_BA1:D80714	14358	D80714	Escherichia coli genomic DNA, (16.8 - 17.1 min).	Escherichia coli	53,312	7-Feb-99	
rxa00618	1230	GB_EST19:AA802737	280	AA802737	GM06236.5prime GM Drosophila melanogaster ovary BlueScript Drosophila melanogaster cDNA clone GM06236 5prime, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	39,923	25-Nov-98	
		GB_EST28:AI534381	581	AI534381	SD07186.5prime SD Drosophila melanogaster Schneider L2 cell culture pOT2 Drosophila melanogaster cDNA clone SD07186 5prime similar to X89858: Ani FBgn0011558 PID:g927407 SPTREMBL:Q24240, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	41,135	18-MAR-1999	
		GB_IN1:DMANILIN	4029	X89858	D.melanogaster mRNA for anillin protein.	Drosophila melanogaster	34,398	8-Nov-95	
rxa00619	1551	GB_BA1:MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,776	17-Jun-98	
		GB_BA1:MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	61,831	24-Jun-97	
		GB_PAT:A60305	1845	A60305	Sequence 5 from Patent WO9708323.	unidentified	61,785	06-MAR-1998	
rxa00620	1014	GB_PL2:AF063247	1450	AF063247	Pneumocystis carinii f. sp. ratti enolase mRNA, complete cds.	Pneumocystis carinii f. sp. ratti	41,060	5-Jan-99	
		GB_BA1:STMAPP	2069	M91546	Streptomyces lividans aminopeptidase P (PepP) gene, complete cds.	Streptomyces lividans	37,126	12-Jun-93	

[0261]

표 4i

		GB_HTG3:AC008763	214575	AC008763	Homo sapiens chromosome 19 clone CITB-E1_3214H19, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 21 unordered pieces.	Homo sapiens	40,020	3-Aug-99	
nxa00824	810	GB_IN1:CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	36,986	2-Sep-99	
		GB_EST13:AA362167	372	AA362167	EST71561 Macrophage I Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.	Homo sapiens	38,378	21-Apr-97	
		GB_IN1:CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	37,694	2-Sep-99	
nxa00626	1386	GB_BA1:MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,971	17-Jun-98	
		GB_BA1:MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	58,806	24-Jun-97	
		GB_BA1:MLLI1518 7	36138	U15187	Mycobacterium leprae cosmid L296.	Mycobacterium leprae	38,007	09-MAR-1995	
nxa00632	795	GB_BA1:BRLBIOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7,8-diaminopelargonic acid aminotransferase and dethiobiotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,358	3-Feb-99	
		GB_PAT:E04041	675	E04041	DNA sequence coding for desthiobiotinsynthetase.	Corynebacterium glutamicum	98,074	29-Sep-97	
		GB_PAT:E04040	1272	E04040	DNA sequence coding for diamino pelargonic acid aminotransferase.	Corynebacterium glutamicum	93,814	29-Sep-97	
nxa00633	1392	GB_BA1:BRLBIOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7,8-diaminopelargonic acid aminotransferase and dethiobiotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	95,690	3-Feb-99	
		GB_PAT:E04040	1272	E04040	DNA sequence coding for diamino pelargonic acid aminotransferase.	Corynebacterium glutamicum	95,755	29-Sep-97	
		GB_BA2:EHU38519	1290	U38519	Erwinia herbicola adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate transaminase (bioA) gene, complete cds.	Erwinia herbicola	55,564	4-Nov-96	
nxa00688	666	GB_BA1:MTV041	28826	AL021958	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 35/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,030	17-Jun-98	
		GB_BA1:BRLSECY	1516	D14162	Brevibacterium flavum gene for SecY protein (complete cds) and gene or adenylate kinase (partial cds).	Corynebacterium glutamicum	99,563	3-Feb-99	
		GB_BA2:MBU77912	7163	U77912	Mycobacterium bovis MBE50a gene, partial cds; and MBE50b, MBE50c, preprotein translocase SecY subunit (secY), adenylate kinase (adk), methionine aminopeptidase (map), RNA polymerase ECF sigma factor (sigE50), MBE50d, and MBE50e genes, complete cds.	Mycobacterium bovis	60,030	27-Jan-99	
nxa00708	930	GB_BA2:AF157493	25454	AF157493	Zymomonas mobilis ZM4 fosmid clone 42D7, complete sequence.	Zymomonas mobilis	39,116	5-Jul-99	
		GB_PAT:I00836	1853	I00836	Sequence 1 from Patent US 4758514.	Unknown.	47,419	21-MAY-1993	
		GB_PAT:E00311	1853	E00311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	47,419	29-Sep-97	
nxa00717	1083	GB_PAT:I78753	1187	I78753	Sequence 9 from patent US 5693781.	Unknown.	37,814	3-Apr-98	
		GB_PAT:I92042	1187	I92042	Sequence 9 from patent US 5726299.	Unknown.	37,814	01-DEC-1998	
		GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	50,647	17-Jun-98	
nxa00718	831	GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,228	17-Jun-98	
		GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,300	17-Jun-98	
		GB_GSS12:AQ420755	671	AQ420755	RPCI-11-168G18.TJ RPCI-11 Homo sapiens genomic clone RPCI-11-168G18, genomic survey sequence.	Homo sapiens	35,750	23-MAR-1999	
nxa00727	1035	GB_HTG3:AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPCI-98 48.D.10 map 34A-34A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99	
		GB_HTG3:AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPCI-98 48.D.10 map 34A-34A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99	
		GB_HTG3:AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPCI-98 48.D.10 map 34A-34A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	33,888	6-Aug-99	

[0262]

표 4j

rxa00766	966	GB_HTG2:AC006789	83823	AC006789	Caenorhabditis elegans clone Y49F6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 2 Caenorhabditis elegans unordered pieces.		36,737	25-Feb-99
		GB_HTG2:AC006789	83823	AC006789	Caenorhabditis elegans clone Y49F6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 2 Caenorhabditis elegans unordered pieces.		36,737	25-Feb-99
rxa00770	1263	GB_BA1:D90810	20476	D90810	E.coli genomic DNA, Kohara clone #319(37.4-37.8 min.).	Escherichia coli	36,526	29-MAY-1997
		GB_BA1:MTV043	68848	AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 40/162.	Mycobacterium tuberculosis	66,193	24-Jun-99
		GB_BA1:MLU15182	40123	U15182	Mycobacterium leprae cosmid B2256.	Mycobacterium leprae	61,443	09-MAR-1995
		GB_BA2:SCD25	41622	AL118514	Streptomyces coelicolor cosmid D25.	Streptomyces coelicolor A3(2)	59,938	21-Sep-99
rxa00779	1056	GB_HTG1:CER08A5	51920	Z82281	Caenorhabditis elegans chromosome V clone R08A5, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	64,896	14-OCT-1998
		GB_HTG1:CER08A5	51920	Z82281	Caenorhabditis elegans chromosome V clone R08A5, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	64,896	14-OCT-1998
		GB_PL2:AF078693	1492	AF078693	Chlamydomonas reinhardtii putative O-acetylserine(thiol)lyase precursor (Crcys-1A) mRNA, nuclear gene encoding organellar protein, complete cds.	Chlamydomonas reinhardtii	57,970	3-Nov-99
rxa00780	669	GB_BA1:MTCY98	31225	Z83860	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 103/162.	Mycobacterium tuberculosis	54,410	17-Jun-98
		GB_BA1:AVINIFREG	7099	M60090	Azotobacter chroococcum nifJ, nifS, nifV, nifP, nifW, nifZ and nifM genes, complete cds.	Azotobacter chroococcum	51,729	26-Apr-93
		GB_BA2:AF001780	6701	AF001780	Cyanothece PCC 8801 NifP (nifP), nitrogenase (nifB), FdxN (fdxN), NifS (nifS) and NifU (nifU) genes, complete cds, and NifH (nifH) gene, partial cds.	Cyanothece PCC8801	36,309	08-MAR-1999
rxa00838	1023	GB_EST1:Z30506	329	Z30506	ATTS2430 AC16H Arabidopsis thaliana cDNA clone TAI306 3', mRNA sequence.	Arabidopsis thaliana	44,308	11-MAR-1994
		GB_PL2:AC006258	110469	AC006258	Arabidopsis thaliana BAC F18G18 from chromosome V near 60.5 cM, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	35,571	28-DEC-1998
		GB_EST37:AI998439	455	AI998439	701545695 A. thaliana, Columbia Col-0, rosette-2 Arabidopsis thaliana cDNA clone 701545695, mRNA sequence.	Arabidopsis thaliana	36,044	8-Sep-99
rxa00863	867	GB_BA1:BLDAPAB	3572	Z21502	B.lactofermentum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	99,539	16-Aug-93
		GB_PAT:E16749	2001	E16749	gDNA encoding dihydrodipicolinate synthase (DDPS).	Corynebacterium glutamicum	99,539	28-Jul-99
		GB_PAT:E14520	2001	E14520	DNA encoding Brevibacterium dihydrodipicolinic acid synthase.	Corynebacterium glutamicum	99,539	28-Jul-99
rxa00864	873	GB_BA1:BLDAPAB	3572	Z21502	B.lactofermentum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	99,885	16-Aug-93
		GB_BA1:CGDAPB	1902	X67737	C.glutamicum dapB gene for dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	1-Apr-93
		GB_PAT:E14520	2001	E14520	DNA encoding Brevibacterium dihydrodipicolinic acid synthase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	28-Jul-99
rxa00865	1026	GB_BA1:BLDAPAB	3572	Z21502	B.lactofermentum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	16-Aug-93
		GB_PAT:E16752	1411	E16752	gDNA encoding dihydrodipicolinate reductase (DDPR).	Corynebacterium glutamicum	99,805	28-Jul-99
		GB_PAT:AR038113	1411	AR038113	Sequence 18 from patent US 5804414.	Unknown.	99,805	29-Sep-99
rxa00867	650	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,179	17-Jun-98
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	39,482	22-Aug-97
		GB_BA1:SAU19858	2838	U19858	Streptomyces antibioticus guanosine pentaphosphate synthetase (gpsI) gene, complete cds.	Streptomyces antibioticus	69,706	25-OCT-1996
rxa00873	779	GB_BA1:SCO001206	9184	AJ001206	Streptomyces coelicolor A3(2) glycogen metabolism cluster II.	Streptomyces coelicolor	63,415	29-MAR-1999
		GB_BA1:SCO001205	9589	AJ001205	Streptomyces coelicolor A3(2) glycogen metabolism cluster I.	Streptomyces coelicolor	61,617	29-MAR-1999

[0263]

표 4k

		GB_BA1:D78198	2304	D78198	Pimelobacter sp. DNA for trehalose synthase, complete cds.	Pimelobacter sp.	60,594	5-Feb-99	
rxa00884	1263	GB_BA1:MTCY253	41230	Z81368	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 109/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,785	17-Jun-98	
		GB_BA1:MSGY222	41156	AD000010	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y222	Mycobacterium tuberculosis	38,006	03-DEC-1996	
		GB_GSS15:AQ654600	468	AQ654600	Sheared DNA-1O14.TF Sheared DNA Trypanosoma brucei genomic clone	Trypanosoma brucei	33,974	22-Jun-99	
rxa00891	1102	GB_BA1:MTCH418B	11700	Z96071	Sheared DNA-1O14, genomic survey sequence. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 7/162.	Mycobacterium tuberculosis	63,297	18-Jun-98	
		GB_BA1:SCO001206	9184	AJ001206	Streptomyces coelicolor A3(2); glycogen metabolism cluster II.	Streptomyces coelicolor	61,665	29-MAR-1999	
		GB_BA1:SCO001205	9589	AJ001205	Streptomyces coelicolor A3(2) glycogen metabolism cluster I.	Streptomyces coelicolor	61,727	29-MAR-1999	
rxa00852	963	EM_PAT:E10963	3118	E10963	gDNA encoding tryptophan synthase.	Corynebacterium glutamicum	99,688	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)	
		GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,847	10-Feb-99	
		GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepibacterium latophelmentamn.	unidentified	98,428	29-Sep-97	
		GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,758	29-Sep-97	
rxa00954	644	GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepibacterium latophelmentamn.	unidentified	98,758	29-Sep-97	
		GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,758	10-Feb-99	
rxa00955	1545	GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,372	29-Sep-97	
		GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,372	10-Feb-99	
		GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepibacterium latophelmentamn.	unidentified	98,242	29-Sep-97	
rxa00956	1237	EM_PAT:E10963	3118	E10963	gDNA encoding tryptophan synthase.	Corynebacterium glutamicum	98,949	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)	
		GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	99,107	10-Feb-99	
		GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,945	29-Sep-97	
rxa00957	1677	GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,165	10-Feb-99	
		GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,627	29-Sep-97	
		GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepibacterium latophelmentamn.	unidentified	98,867	29-Sep-97	
rxa00958	747	GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,792	10-Feb-99	
		GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,792	29-Sep-97	
		GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepibacterium latophelmentamn.	unidentified	98,658	29-Sep-97	
rxa00970	1050	GB_BA1:CGHOMTHR	3685	Y00546	Corynebacterium glutamicum hom-thrB genes for homoserine dehydrogenase and homoserine kinase.	Corynebacterium glutamicum	99,805	12-Sep-93	
		GB_PAT:I09077	3685	I09077	Sequence 1 from Patent WO 8809819.	Unknown.	99,810	02-DEC-1994	
		GB_PAT:E01358	2615	E01358	DNA encoding for homoserine dehydrogenase(HDH)and homoserine kinase(HK)	Corynebacterium glutamicum	97,524	29-Sep-97	
rxa00972	1458	GB_PAT:E16755	3579	E16755	gDNA encoding diaminopimelate decarboxylase (DDC) and arginyl-tRNA synthase.	Corynebacterium glutamicum	99,831	28-Jul-99	
		GB_PAT:AR038110	3579	AR038110	Sequence 15 from patent US 5804414.	Unknown.	99,831	29-Sep-99	
		GB_PAT:E14508	3579	E14508	DNA encoding Brevibacterium diaminopimelic acid decarboxylase and arginyl-tRNA synthase.	Corynebacterium glutamicum	99,831	28-Jul-99	
rxa00981	753	GB_OV:GGA245664	512	AJ245664	Gallus gallus partial mRNA for ATP-citrate lyase (ACL gene).	Gallus gallus	37,538	28-Sep-99	
		GB_PL2:AC007687	159434	AC007687	Genomic sequence for Arabidopsis thaliana BAC F15O4 from chromosome I, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	37,600	04-OCT-1999	

[0264]

표 41

		GB_GSS1:CNS00RNW	542	AL087338	Arabidopsis thaliana genome survey sequence T7 end of BAC F14D7 of IGF library from strain Columbia of Arabidopsis thaliana, genomic survey sequence.	Arabidopsis thaliana	41,264	28-Jun-99
nxa00989	1844	GB_BA1:MTV008	63033	AL021246	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 108/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,773	17-Jun-98
		GB_BA1:SCVALSFP	3619	Y13070	S.coelicolor valS, fgp, ndk genes.	Streptomyces coelicolor	58,119	03-MAR-1998
		GB_BA1:MTV008	63033	AL021246	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 108/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,167	17-Jun-98
nxa00997	705	GB_BA2:CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline:NADP+ 5-oxidoreductase (proC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	40,841	2-Aug-96
		GB_HTG1:CEY39C12	282838	AL009026	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y39C12, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	38,416	26-OCT-1999
		GB_IN1:CEB00001	39416	Z69634	Caenorhabditis elegans cosmid B0001, complete sequence.			
nxa01019	1110	GB_HTG2:AC005052	144734	AC005052	Homo sapiens clone RG038K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 3 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans Homo sapiens	36,416 39,172	2-Sep-99 12-Jun-98
		GB_HTG2:AC005052	144734	AC005052	Homo sapiens clone RG038K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 3 unordered pieces.	Homo sapiens	39,172	12-Jun-98
		GB_GSS9:AQ171808	512	AQ171808	HS_3179_A1_G03_17 CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3179 Col=5 Row=M, genomic survey sequence.	Homo sapiens	34,661	17-OCT-1998
nxa01026	1782	GB_BA1:SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid 1C2.	Streptomyces coelicolor	68,275	15-Jan-99
		GB_BA1:ATLEUCD	2982	X84647	A.teichomyceticus leuC and leuD genes.	Actinoplanes teichomyceticus	65,935	04-OCT-1995
		GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 132/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,454	23-Jun-99
nxa01027	1131	GB_BA1:MLCB637	44882	Z99263	Mycobacterium leprae cosmid B637.	Mycobacterium leprae	38,636	17-Sep-97
		GB_BA1:MTCY349	43523	Z83018	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 131/162.	Mycobacterium tuberculosis	51,989	17-Jun-98
		GB_BA1:SPUNGMUTX	1172	Z21702	S.pneumoniae ung gene and mutX genes encoding uracil-DNA glycosylase and 8-oxodGTP nucleoside triphosphatase.	Streptococcus pneumoniae	38,088	15-Jun-94
nxa01073	964	GB_BA1:BACOUTB	1004	M15811	Bacillus subtilis outB gene encoding a sporulation protein, complete cds.	Bacillus subtilis	53,723	26-Apr-93
		GB_PR4:AC007938	167237	AC007938	Homo sapiens clone UWGC:dj5201 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	34,322	1-Jul-99
		GB_PL2:ATAC006282	92577	AC006282	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F13K3 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,181	13-MAR-1999
nxa01079	2226	GB_BA2:AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,820	5-Aug-99
		GB_BA1:CANRDFGEN	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdI, nrdJ, nrdE, nrdF genes.	Corynebacterium ammoniagenes	75,966	18-Apr-98
		GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 132/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,296	23-Jun-99
nxa01080	567	GB_BA2:AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	5-Aug-99
		GB_BA1:CANRDFGEN	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdI, nrdJ, nrdE, nrdF genes.	Corynebacterium ammoniagenes	65,511	18-Apr-98
		GB_BA1:STNRD	4894	X73226	S.typhimurium nrdEF operon.	Salmonella typhimurium	52,477	03-MAR-1997
		GB_IN2:AF063412	1093	AF063412	Limnadia lenticularis elongation factor 1-alpha mRNA, partial cds.	Limnadia lenticularis	43,750	28-MAR-1999
nxa01087	999	GB_PR3:HS24M15	134539	Z94055	Human DNA sequence from PAC 24M15 on chromosome 1. Contains tetascin-R (restrictin), EST.	Homo sapiens	37,475	23-Nov-99
		GB_IN2:ARU85702	1240	U85702	Anaitax ralla elongation factor-1 alpha (EF-1a) gene, partial cds.	Anaitax ralla	37,319	16-Jul-97

[0265]

표 4m

nxa01095	857	GB_BA1:MTCY01B2	35938	Z95554	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 72/162.	Mycobacterium tuberculosis	43,243	17-Jun-98
		GB_HTG5:AC011632	175917	AC011632	Homo sapiens clone RP11-3N13, WORKING DRAFT SEQUENCE, 9 unordered pieces.	Homo sapiens	36,471	19-Nov-99
nxa01097	477	GB_BA2:AF030405	774	AF030405	Corynebacterium glutamicum cyclase (hisF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	13-Nov-97
		GB_BA2:AF030405	774	AF030405	Corynebacterium glutamicum cyclase (hisF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	41,206	13-Nov-97
nxa01098	897	GB_BA2:AF030405	774	AF030405	Corynebacterium glutamicum cyclase (hisF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,933	13-Nov-97
		GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	40,972	10-DEC-1996
		GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	61,366	27-Aug-99
nxa01100	861	GB_BA2:AF051846	738	AF051846	Corynebacterium glutamicum phosphoribosylformimino-5-amino-1-phosphoribosyl-4-imidazolecarboxamide isomerase (hisA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,154	12-MAR-1998
		GB_BA2:AF060558	636	AF060558	Corynebacterium glutamicum glutamine amidotransferase (hisH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	95,455	29-Apr-98
		GB_HTG1:HSDJ140A9	221755	AL109917	Homo sapiens chromosome 1 clone RP1-140A9, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	30,523	23-Nov-99
nxa01101	756	GB_BA2:AF060558	636	AF060558	Corynebacterium glutamicum glutamine amidotransferase (hisH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	94,462	29-Apr-98
		GB_BA1:SC4G6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	38,378	23-Jul-99
		GB_BA1:STMHISOPA	3981	M31628	S.coelicolor histidine biosynthesis operon encoding hisD, partial cds., and hisC, hisB, hisH, and hisA genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	60,053	26-Apr-93
nxa01104	729	GB_BA1:STMHISOPA	3981	M31628	S.coelicolor histidine biosynthesis operon encoding hisD, partial cds., and hisC, hisB, hisH, and hisA genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	58,333	26-Apr-93
		GB_BA1:SC4G6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	39,045	23-Jul-99
		GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,364	24-Jun-99
nxa01105	1221	GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,931	24-Jun-99
		GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	36,851	10-DEC-1996
		GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	60,902	27-Aug-99
nxa01106	1449	GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	37,233	10-DEC-1996
		GB_BA1:MSHISCD	2298	X65542	M.smegmatis genes hisD and hisC for histidinol dehydrogenase and histidinol-phosphate aminotransferase, respectively.	Mycobacterium smegmatis	60,111	30-Jun-93
		GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	58,420	24-Jun-99
nxa01145	1137	GB_BA1:CORAIA	4705	L09232	Corynebacterium glutamicum acetohydroxy acid synthase (ilvB) and (ilvN) genes, and acetohydroxy acid isomeroreductase (ilvC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	23-Feb-95
		GB_BA1:BRLILVCA	1364	D14551	Brevibacterium flavum ilvC gene for acetohydroxy acid isomeroreductase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,560	3-Feb-99
		GB_PAT:E08232	1017	E08232	DNA encoding acetohydroxy-acid isomeroreductase.	Corynebacterium glutamicum	99,803	29-Sep-97
nxa01162	1449	GB_PAT:A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	Aspergillus niger	38,675	06-MAR-1998
		GB_PR3:H524E5	35506	Z92185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2-qter contains parvalbumin, ESTs, STS.	Homo sapiens	36,204	23-Nov-99

[0266]

표 4n

nxa01208	846	GB_PR3:AC005265	43900	AC005265	Homo sapiens chromosome 19, cosmid F19750, complete sequence.	Homo sapiens	38,383	6-Jul-98		
		GB_HTG2:AC004985	323792	AC004985	Homo sapiens clone DJ1106H14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 42 unordered pieces.	Homo sapiens	36,058	12-Jun-98		
		GB_HTG2:AC004985	323792	AC004985	Homo sapiens clone DJ1106H14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 42 unordered pieces.	Homo sapiens	36,058	12-Jun-98		
nxa01209	1528	GB_PL2:TAU55859	2387	U55859	Triticum aestivum heat shock protein 80 mRNA, complete cds.	Triticum aestivum	37,269	1-Feb-99		
		GB_HTG3:AC011469	113436	AC011469	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_475D23, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 31 unordered pieces.	Homo sapiens	40,000	07-OCT-1999		
		GB_HTG3:AC011469	113436	AC011469	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_475D23, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 31 unordered pieces.	Homo sapiens	40,000	07-OCT-1999		
		GB_PL1:AB010077	77380	AB010077	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone: MYH19, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,803	20-Nov-99		
nxa01215	1098	GB_BA1:MTCY10G2	38970	Z92539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome: segment 47/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,047	17-Jun-98		
		GB_IN1:LEIPRPP	1887	M76553	Leishmania donovani phosphoribosylpyrophosphate synthetase gene, complete cds.	Leishmania donovani	50,738	7-Jun-93		
		GB_HTG2:HSJ799D16	130149	AL050344	Homo sapiens chromosome 1 clone RP4-799D16 map p34.3-36.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	38,135	29-Nov-99		
nxa01239	2556	GB_BA1:MTCY48	35377	Z74020	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome: segment 69/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,139	17-Jun-98		
		GB_PR2:AB029032	6377	AB029032	Homo sapiens mRNA for KIAA1109 protein, partial cds.	Homo sapiens	39,394	4-Aug-99		
		GB_GSS9:AQ107201	355	AQ107201	HS_3099_A1_C03_T7 CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3098 Col=5 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	41,408	28-Aug-98		
nxa01253	873	GB_PL2:F5O8	99923	AC005990	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F5O8 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,118	23-DEC-1998		
		GB_PL2:F5O8	99923	AC005990	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F5O8 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	35,574	23-DEC-1998		
nxa01321	1044	GB_IN1:CELC08G1	31205	U41014	Caenorhabditis elegans cosmid C08G1.	Caenorhabditis elegans	38,560	30-Nov-95		
		GB_GSS14:AQ618843	441	AQ618843	HS_5106_A1_D10_SP6E RPCI-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=682 Col=19 Row=G, genomic survey sequence.	Homo sapiens	41,121	05-MAY-1999		
		GB_HTG2:AC007473	194859	AC007473	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR38D12 (D580) RPCI-98 38.D.12 map 48A-48B strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 60 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,634	2-Aug-99		
		GB_HTG4:AC011696	115847	AC011696	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR35F01 (D1156) RPCI-98 35.F.1 map 48A-48C strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 108 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	38,290	28-OCT-1999		
nxa01352	706	GB_PL2:ATAC005167	83260	AC005167	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F12A24 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,311	15-OCT-1998		
		GB_PL2:ATAC005825	97380	AC005825	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T24I21 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,311	12-Apr-99		
		GB_HTG3:AC011150	127222	AC011150	Homo sapiens clone 4_K_17, LOW-PASS SEQUENCE SAMPLING.	Homo sapiens	37,722	01-OCT-1999		
nxa01360	259	GB_EST32:AI725583	728	AI725583	BNLGH12371 Six-day Cotton fiber Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (U86081) root hair defective 3 (Arabidopsis thaliana), mRNA sequence.	Gossypium hirsutum	38,492	11-Jun-99		
		GB_PR2:H5227P17	82951	Z81007	Human DNA sequence from PAC 227P17, between markers DXS6791 and DXS8038 on chromosome X contains CpG island, EST.	Homo sapiens	39,738	23-Nov-99		

[0267]

표 40

		GB_EST34:AV171099	173	AV171099	AV171099 Mus musculus head C57BL/6J 14, 17 day embryo Mus musculus cDNA clone 3200022M11, mRNA sequence.	Mus musculus	46,237	6-Jul-99		
nxa01361	629	GB_RO:AB008915S1	530	AB008915	Mus musculus mGpi1 gene, exon 1.	Mus musculus	45,574	28-Sep-99		
		GB_EST22:AI050532	293	AI050532	uc83d10.y1 Sugano mouse kidney mkia Mus musculus cDNA clone IMAGE:1432243 5' similar to TR:O35120 O35120 MGPI1P ;, mRNA sequence.	Mus musculus	44,097	9-Jul-98		
nxa01361	944	GB_RO:AB008895	3062	AB008895	Mus musculus mRNA for mGpi1p, complete cds.	Mus musculus	41,316	23-Nov-97		
		GB_PL1:AB005237	87835	AB005237	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone: MJJ3,complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,606	20-Nov-99		
		GB_GSS5:AQ768840	491	AQ768840	HS_2026_A2_C09_T7C CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=2026 Col=18 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,916	28-Jul-99		
		GB_BA1:MTV043	68848	AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 40/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,419	24-Jun-99		
nxa01393	993	GB_BA1:CGLYSEG	2374	X96471	C.glutamicum lysE and lysG genes.	Corynebacterium glutamicum	34,831	24-Feb-97		
		GB_BA1:SC5A7	40337	AL031107	Streptomyces coelicolor cosmid 5A7.	Streptomyces coelicolor	35,138	27-Jul-98		
		GB_PR3:AC004054	112184	AC004054	Homo sapiens chromosome 4 clone B220G8 map 4q21, complete sequence.	Homo sapiens	37,277	9-Jul-98		
nxa01394	822	GB_BA1:CGLYSEG	2374	X96471	C.glutamicum lysE and lysG genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	24-Feb-97		
		GB_GSS5:AQ769223	500	AQ769223	HS_3155_B2_G10_T7C CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3155 Col=20 Row=N, genomic survey sequence.	Homo sapiens	38,400	28-Jul-99		
		GB_BA1:CGLYSEG	2374	X96471	C.glutamicum lysE and lysG genes.	Corynebacterium glutamicum	33,665	24-Feb-97		
nxa01416	630	GB_BA1:SC3C3	31382	AL031231	Streptomyces coelicolor cosmid 3C3.	Streptomyces coelicolor	62,726	10-Aug-98		
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	39,159	22-Aug-97		
		GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,340	17-Jun-98		
nxa01442	1347	GB_BA1:D90827	18886	D90827	E.coli genomic DNA, Kohara clone #338(41.2-41.6 min.).	Escherichia coli	58,517	21-MAR-1997		
		GB_BA1:D90828	14590	D90828	E.coli genomic DNA, Kohara clone #339(gap)(41.6-41.9 min.).	Escherichia coli	56,151	21-MAR-1997		
		GB_BA2:AE000279	10855	AE000279	Escherichia coli K-12 MG1655 section 169 of 400 of the complete genome.	Escherichia coli	56,021	12-Nov-98		
nxa01446	1413	GB_BA1:SCH10	39524	AL049754	Streptomyces coelicolor cosmid H10.	Streptomyces coelicolor	39,037	04-MAY-1999		
		GB_BA1:MTY13E10	35019	Z95324	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 18/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,130	17-Jun-98		
		GB_BA1:MLCB4	36310	AL023514	Mycobacterium leprae cosmid B4.	Mycobacterium leprae	37,752	27-Aug-99		
nxa01483	1395	GB_BA1:MTCY98	31225	Z83860	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 103/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,057	17-Jun-98		
		GB_BA1:MSGB1229CS	30670	L78812	Mycobacterium leprae cosmid B1229 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	54,382	15-Jun-96		
		GB_BA2:AF027507	5168	AF027507	Mycobacterium smegmatis dGTPase (dgt), and primase (dnaG) genes, complete cds; tRNA-Asn gene, complete sequence.	Mycobacterium smegmatis	52,941	16-Jan-98		
nxa01486	757	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,941	17-Jun-98		
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	38,451	22-Aug-97		
		GB_BA1:SC3C3	31382	AL031231	Streptomyces coelicolor cosmid 3C3.	Streptomyces coelicolor	61,194	10-Aug-98		
nxa01489	1146	GB_BA1:CORF-ADS	1547	D37957	Corynebacterium ammoniagenes gene for FAD synthetase, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	58,021	8-Feb-99		
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	38,414	22-Aug-97		
		GB_BA1:SC10A7	39739	AL078618	Streptomyces coelicolor cosmid 10A7.	Streptomyces coelicolor	36,930	9-Jun-99		
nxa01491	774	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,062	17-Jun-98		

[0268]

표 4p

		GB_EST13:AA356956	255	AA356956	EST65614 Jurkat T-cells III Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.	Homo sapiens	37,647	21-Apr-97
rxa01508	1662	GB_OV:OMDNAPRCI	7327	X92380	O.mossambicus prolactin I gene.	Tilapia mossambica	38,289	19-OCT-1995
		GB_IN1:CEF28C12	14653	Z93360	Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	37,984	23-Nov-98
		GB_IN1:CEF28C12	14653	Z93360	Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	38,469	23-Nov-98
rxa01512	723	GB_BA1:SCE9	37730	AL049841	Streptomyces coelicolor cosmid E9.	Streptomyces coelicolor	39,021	19-MAY-1999
		GB_BA1:MAU88875	840	U88875	Mycobacterium avium hypoxanthine-guanine phosphoribosyl transferase gene, complete cds.	Mycobacterium avium	57,521	05-MAR-1997
		GB_BA1:MTY16C10	33050	Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 154/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,086	17-Jun-98
rxa01514	711	GB_BA1:MTCY7H7B	24244	Z95557	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 153/162.	Mycobacterium tuberculosis	43,343	16-Jun-98
		GB_BA1:MLCB2548	38916	AL023093	Mycobacterium leprae cosmid B2548.	Mycobacterium leprae	38,177	27-Aug-99
		GB_PL1:EGGTPCHI	242	Z49757	E.gracilis mRNA for GTP cyclohydrolase I (core region).	Euglena gracilis	64,876	20-OCT-1995
rxa01515	975	GB_BA1:ECOUW93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes.	Escherichia coli	38,943	17-Apr-96
		GB_BA1:ECOUW93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes.	Escherichia coli	37,500	17-Apr-96
		GB_BA1:MTCY49	39430	Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 93/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,010	24-Jun-99
rxa01516	513	GB_IN1:DME238847	5419	AJ238847	Drosophila melanogaster mRNA for drosophila dodeca-satellite protein 1 (DDP-1).	Drosophila melanogaster	36,346	13-Aug-99
		GB_HTG3:AC009210	103814	AC009210	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BAC:R01106 (D1054) RPCI-98 01.1.6 map 55D-55D strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 86 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	37,897	20-Aug-99
		GB_IN2:AF132179	4842	AF132179	Drosophila melanogaster clone LD21677 unknown mRNA.	Drosophila melanogaster	36,149	3-Jun-99
rxa01517	600	GB_PL2:FBHI8	82596	AF178045	Arabidopsis thaliana BAC FBH8.	Arabidopsis thaliana	35,846	19-Aug-99
		GB_PL2:AFO38831	647	AFO38831	Sorosporium saponariae internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence.	Sorosporium saponariae	40,566	13-Apr-99
		GB_PL2:ATAC005957	108355	AC005957	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T15J14 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	38,095	7-Jan-99
rxa01521	921	GB_BA1:ANANIFBH	5936	J05111	Anabaena sp. (clone AnH20.1) nitrogen fixation operon nifB, fdxN, nifS, nifU, and nifH genes, complete cds.	Anabaena sp.	38,206	26-Apr-93
		GB_PR2:AC002461	197273	AC002461	Human BAC clone RG204l16 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	36,623	20-Aug-97
		GB_PR2:AC002461	197273	AC002461	Human BAC clone RG204l16 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	34,719	20-Aug-97
rxa01528	651	GB_RO:MM437P9	165501	AL049866	Mus musculus chromosome X, clone 437P9.	Mus musculus	37,500	29-Jun-99
		GB_PR3:AC005740	186780	AC005740	Homo sapiens chromosome 5p, BAC clone 50g21 (LBNL H154), complete sequence.	Homo sapiens	37,031	01-OCT-1998
		GB_PR3:AC005740	186780	AC005740	Homo sapiens chromosome 5p, BAC clone 50g21 (LBNL H154), complete sequence.	Homo sapiens	36,035	01-OCT-1998
		GB_BA1:MTCY22G10	35420	Z84724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 21/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,371	17-Jun-98
rxa01551	1998	GB_BA2:ECOUW89	176195	U00006	E. coli chromosomal region from 89.2 to 92.8 minutes.	Escherichia coli	38,084	17-DEC-1993
		GB_BA1:SCQ11	15441	AL096823	Streptomyces coelicolor cosmid Q11.	Streptomyces coelicolor	60,775	8-Jul-99
rxa01561	1053	GB_IN1:CEY62H9A	47396	AL032630	Caenorhabditis elegans cosmid Y62H9A, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	38,514	2-Sep-99
		GB_PR4:HSU51003	3202	U51003	Homo sapiens DLX-2 (DLX-2) gene, complete cds.	Homo sapiens	37,730	07-DEC-1999
		GB_OM:PIGDAO1	395	M18444	Pig D-amino acid oxidase (DAO) gene, exon 1.	Sus scrofa	39,340	27-Apr-93
rxa01589	1785	GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	63,300	17-Jun-98
		GB_BA1:U00021	39193	U00021	Mycobacterium leprae cosmid L247.	Mycobacterium leprae	38,786	29-Sep-94
		GB_BA1:MLCB1351	38936	Z95117	Mycobacterium leprae cosmid B1351.	Mycobacterium leprae	36,756	24-Jun-97

[0269]

표 4q

nxa01617	795	GB_PR2:HSMTM0	217657	AL034384	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197. 12G8, A09100; complete sequence bases 1.. 217657.	Homo sapiens	40,811	5-Jul-99
		GB_PR2:HS13D10	153147	AL021407	Homo sapiens DNA sequence from PAC 13D10 on chromosome 6q22.3-23. Contains CpG island.	Homo sapiens	38,768	23-Nov-99
		GB_PR2:HSMTM0	217657	AL034384	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197, 12G8, A09100; complete sequence bases 1.. 217657.	Homo sapiens	39,018	5-Jul-99
nxa01657	723	GB_BA1:MTCY11A10	25949	Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 117/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,656	17-Jun-98
		GB_EST6:D79278	392	D79278	HUM213D06B Human aorta polyA+ (TFujiwara) Homo sapiens cDNA clone GEN-213D06 5', mRNA sequence.	Homo sapiens	44,262	9-Feb-96
nxa01660	675	GB_BA2:AF129925	10243	AF129925	Thiobacillus ferrooxidans carboxysome operon, complete cds.	Thiobacillus ferrooxidans	40,709	17-MAY-1999
		GB_BA1:MTV013	11364	AL021309	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 134/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,986	17-Jun-98
		GB_ROD:MMFV1	6480	X97719	M.musculus retrovirus restriction gene Fv1.	Mus musculus	35,364	29-Aug-96
		GB_PAT:A67508	6480	A67508	Sequence 1 from Patent WO9743410.	Mus musculus	35,364	05-MAY-1999
nxa01678	651	GB_VI:TVU95309	600	U95309	Tula virus O64 nucleocapsid protein gene, partial cds.	Tula virus	41,894	28-OCT-1997
		GB_VI:TVU95303	600	U95303	Tula virus O52 nucleocapsid protein gene, partial cds.	Tula virus	41,712	28-OCT-1997
		GB_VI:TVU95302	600	U95302	Tula virus O24 nucleocapsid protein gene, partial cds.	Tula virus	39,576	28-OCT-1997
nxa01679	1359	GB_EST5:H91843	362	H91843	ys81e01.s1 Soares retina N2b4HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:221208 3' similar to gb:X63749_ma1 GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN G(T), ALPHA-1 (HUMAN);, mRNA sequence.	Homo sapiens	39,157	29-Nov-95
		GB_STS:G26925	362	G26925	human STS SHGC-30023, sequence tagged site.	Homo sapiens	39,157	14-Jun-96
		GB_PL2:AF139451	1202	AF139451	Gossypium robinsonii CelA2 pseudogene, partial sequence.	Gossypium robinsonii	38,910	1-Jun-99
nxa01690	1224	GB_BA1:SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid 1C2.	Streptomyces coelicolor	60,644	15-Jan-99
		GB_EST22:AI064232	493	AI064232	GH04563.5prime GH Drosophila melanogaster head pOT2 Drosophila melanogaster cDNA clone GH04563 5prime, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	38,037	24-Nov-98
		GB_IN2:AF117896	1020	AF117896	Drosophila melanogaster neuropeptide F (npf) gene, complete cds.	Drosophila melanogaster	36,122	2-Jul-99
nxa01692	873	GB_BA2:AF067123	1034	AF067123	Lactobacillus reuteri cobalamin biosynthesis protein J (cbiJ) gene, partial cds; and uroporphyrin-III C-methyltransferase (sumT) gene, complete cds.	Lactobacillus reuteri	46,079	3-Jun-98
		GB_RO:RATNFH-PEP	3085	M37227	Rat heavy neurofilament (NF-H) polypeptide, partial cds.	Rattus norvegicus	37,093	27-Apr-93
		GB_RO:RSNFH	3085	X13804	Rat mRNA for heavy neurofilament polypeptide NF-H C-terminus.	Rattus sp.	37,093	14-Jul-95
nxa01698	1353	GB_BA2:AF124600	4115	AF124600	Corynebacterium glutamicum chorismate synthase (aroC), shikimate kinase (aroK), and 3-dehydroquinate synthase (aroB) genes, complete cds; and putative cytoplasmic peptidase (pepO) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	04-MAY-1999
		GB_BA1:MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,323	17-Jun-98
nxa01699	693	GB_BA1:MSGB937CS	38914	L78820	Mycobacterium leprae cosmid B937 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	62,760	15-Jun-96
		GB_BA2:AF124600	4115	AF124600	Corynebacterium glutamicum chorismate synthase (aroC), shikimate kinase (aroK), and 3-dehydroquinate synthase (aroB) genes, complete cds; and putative cytoplasmic peptidase (pepO) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	04-MAY-1999
		GB_BA2:AF016585	41097	AF016585	Streptomyces caelestis cytochrome P-450 hydroxylase homolog (nidI) gene, partial cds; polyketide synthase modules 1 through 7 (nidA) genes, complete cds; and N-methyltransferase homolog gene, partial cds.	Streptomyces caelestis	40,260	07-DEC-1997
		GB_EST9:C19712	399	C19712	C19712 Rice panicle at ripening stage Oryza sativa cDNA clone E10821_1A, mRNA sequence.	Oryza sativa	45,425	24-OCT-1996
nxa01712	805	GB_EST21:AA952466	278	AA952466	TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi cDNA clone 1404 5', mRNA sequence.	Trypanosoma cruzi	40,876	29-OCT-1998

[0270]

표 4r

	GB_EST21:AA952466	278	AA952466	TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi Trypanosoma cruzi		41.367	29-OCT-1998
nxa01719	684	GB_HTG1:HSDJ534K7	154416	AL109925	Homo sapiens chromosome 1 clone RP4-534K7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	35.551	23-Nov-99
		GB_HTG1:HSDJ534K7	154416	AL109925	Homo sapiens chromosome 1 clone RP4-534K7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	35.651	23-Nov-99
		GB_EST27:AI447108	431	AI447108	mq91e09.x1 Stratagene mouse heart (#937316) Mus musculus cDNA clone IMAGE:586118 3', mRNA sequence.	Mus musculus	39.671	09-MAR-1999
nxa01720	1332	GB_PR4:AC006322	179640	AC006322	Homo sapiens PAC clone DJ1060B11 from 7q11.23-q21.1, complete sequence.	Homo sapiens	35.817	18-MAR-1999
		GB_PL2:TM018A10	106184	AF013294	Arabidopsis thaliana BAC TM018A10.	Arabidopsis thaliana	35.698	12-Jul-97
		GB_PR4:AC006322	179640	AC006322	Homo sapiens PAC clone DJ1060B11 from 7q11.23-q21.1, complete sequence.	Homo sapiens	37.243	18-MAR-1999
nxa01746	876	GB_EST3:R46227	443	R46227	yg52a03.s1 Soares Infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:36000 3', mRNA sequence.	Homo sapiens	42.812	22-MAY-1995
		GB_EST3:R46227	443	R46227	yg52a03.s1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:36000 3', mRNA sequence.	Homo sapiens	42.655	22-MAY-1995
nxa01747	1167	GB_BA1:MTCY190	34150	Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 98/162.	Mycobacterium tuberculosis	59.294	17-Jun-98
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	57.584	22-Aug-97
		GB_BA1:SC5F7	40024	AL096872	Streptomyces coelicolor cosmid 5F7.	Streptomyces coelicolor A3(2)	61.810	22-Jul-99
nxa01757	924	GB_EST21:AA918454	416	AA918454	om38c02.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1543298 3' similar to WP:F28F8.3 CE09757 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN E.; mRNA sequence.	Homo sapiens	36.655	23-Jun-98
		GB_EST4:I34042	345	I34042	EST110363 Rat PC-12 cells, NGF-treated (9 days) Rattus sp. cDNA clone RPNBI81 5' end, mRNA sequence.	Rattus sp.	35.942	2-Apr-98
		GB_EST20:AA899038	450	AA899038	NCP6G81T7 Perithecial Neurospora crassa cDNA clone NP6G8 3' end, mRNA sequence.	Neurospora crassa	40.000	12-Apr-98
nxa01807	915	GB_BA1:AP000063	185300	AP000063	Aeropyrum pernix genomic DNA, section 6/7.	Aeropyrum pernix	40.067	22-Jun-99
		GB_HTG4:AC010694	115867	AC010694	Drosophila melanogaster clone RPCI98-6H2, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 75 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35.450	16-OCT-1999
		GB_HTG4:AC010694	115857	AC010694	Drosophila melanogaster clone RPCI98-6H2, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 75 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35.450	16-OCT-1999
nxa01821	401	GB_BA1:CGLU07732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, aml gene, ocd gene and 5' sodA gene.	Corynebacterium glutamicum	100.000	7-Jan-99
		GB_RO:RATALGL	7601	M24108	Rattus norvegicus (clone A2U42) alpha2u globulin gene, exons 1-7.	Rattus norvegicus	38.692	15-DEC-1994
		GB_OV:APIGY2	1381	X78272	Anas platyrhynchos (Super M) IgY upsilon heavy chain gene, exon 2.	Anas platyrhynchos	36.962	15-Feb-99
nxa01835	654	GB_EST30:AI629479	353	AI629479	486101D10.x1 486 - leaf primordia cDNA library from Hake lab Zea mays cDNA, mRNA sequence.	Zea mays	38.109	26-Apr-99
		GB_STS:G48245	515	G48245	SHGC-62915 Human Homo sapiens STS genomic, sequence tagged site.	Homo sapiens	37.021	26-MAR-1999
		GB_GSS3:B49052	515	B49052	RPCI11-4H12.TV RPCI-11 Homo sapiens genomic clone RPCI-11-4H12, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37.021	8-Apr-99

[0271]

표 4s

nxa01850	1470	GB_BA2:ECOUW87_0	110000	U18997	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 67.4 to 78.0 minutes.	Escherichia coli	37,196	U18997		
		GB_BA2:AE000392	10345	AE000392	Escherichia coli K-12 MG1655 section 282 of 400 of the complete genome.	Escherichia coli	38,021	12-Nov-98		
		GB_BA2:U32715	13136	U32715	Haemophilus influenzae Rd section 30 of 163 of the complete genome.	Haemophilus influenzae Rd	39,860	29-MAY-1998		
nxa01878	1002	GB_HTG1:CEY64F11	177748	Z99776	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,564	14-OCT-1998		
		GB_HTG1:CEY64F11	177748	Z99776	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,564	14-OCT-1998		
		GB_HTG1:CEY64F11	177748	Z99776	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,578	14-OCT-1998		
nxa01892	852	GB_BA1:MTCY274	39991	Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 126/162.	Mycobacterium tuberculosis	35,910	19-Jun-98		
		GB_BA1:MLCB250	40803	Z97369	Mycobacterium leprae cosmid B250.	Mycobacterium leprae	64,260	27-Aug-99		
		GB_BA1:MSGB1529C3	36985	L78824	Mycobacterium leprae cosmid B1529 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	64,260	15-Jun-96		
nxa01894	978	GB_BA1:MTCY274	39991	Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 126/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,229	19-Jun-98		
		GB_IN1:CELF46H5	38886	U41543	Caenorhabditis elegans cosmid F46H5.	Caenorhabditis elegans	38,525	29-Nov-96		
		GB_HTG3:AC009204	115633	AC009204	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BAC R03E19 (D1033) RPCI-98 03.E.19 map 36E-37C strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 94 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	31,579	18-Aug-99		
nxa01920	1125	GB_BA2:AF112536	1798	AF112536	Corynebacterium glutamicum ribonucleotide reductase beta-chain (nrdF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,733	5-Aug-99		
		GB_BA1:CANRDFGEN	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	Corynebacterium ammoniagenes	70,321	18-Apr-98		
		GB_BA2:AF050168	1228	AF050168	Corynebacterium ammoniagenes ribonucleoside diphosphate reductase small subunit (nrdF) gene, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	72,082	23-Apr-98		
nxa01928	960	GB_BA1:CGPAN	2164	X96580	C.glutamicum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	11-MAY-1999		
		GB_PL1:AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain:Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	35,917	15-Sep-99		
		GB_PL1:AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain:Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	33,925	15-Sep-99		
nxa01929	936	GB_BA1:CGPAN	2164	X96580	C.glutamicum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	11-MAY-1999		
		GB_BA1:XCU33548	8429	U33548	Xanthomonas campestris hrpB pathogenicity locus proteins HrpB1, HrpB2, HrpB3, HrpB4, HrpB5, HrpB6, HrpB7, HrpB8, HrpA1, and ORF62 genes, complete cds.	Xanthomonas campestris pv. vesicatoria	38,749	19-Sep-96		
nxa01940	1059	GB_BA1:XANHRPB6A	1329	M99174	Xanthomonas campestris hrpB6 gene, complete cds.	Xanthomonas campestris	39,305	14-Sep-93		
		GB_IN2:CFU43371	1060	U43371	Crithidia fasciculata inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase (IUNH) gene, complete cds.	Crithidia fasciculata	61,417	18-Jun-96		
		GB_BA2:AE001467	11601	AE001467	Helicobacter pylori, strain J99 section 28 of 132 of the complete genome.	Helicobacter pylori J99	38,560	20-Jan-99		
		GB_RO:AF175967	3492	AF175967	Homo sapiens Leman coiled-coil protein (LCCP) mRNA, complete cds.	Mus musculus	40,275	26-Sep-99		
nxa02022	1230	GB_BA1:CGDAPE	1966	X81379	C.glutamicum dapE gene and orf2.	Corynebacterium glutamicum	100,000	8-Aug-95		
		GB_BA1:CGDNAAROP	2612	X85965	C.glutamicum ORF3 and aroP gene.	Corynebacterium glutamicum	38,889	30-Nov-97		
nxa02024	859	GB_BA1:APU47055	6469	U47055	Anabaena PCC7120 nitrogen fixation proteins (nifE, nifN, nifX, nifV) genes, complete cds, and nitrogenase (nifK) and hesA genes, partial cds.	Anabaena PCC7120	36,647	17-Feb-96		
		GB_BA1:MTCI364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 52/162.	Mycobacterium tuberculosis	59,415	17-Jun-98		

[0272]

표 4t

		GB_BA1:MSGB1912C3	38503	L01536	M. leprae genomic dna sequence, cosmid b1912.	Mycobacterium leprae	57.093	14-Jun-96			
		GB_BA1:MLU15180	38675	U15180	Mycobacterium leprae cosmid B1756.	Mycobacterium leprae	57.210	09-MAR-1995			
rxa02027											
rxa02031											
rxa02072	1464	GB_BA1:CGGDHA	2037	X72855	C.glutamicum GDHA gene.	Corynebacterium glutamicum	99.317	24-MAY-1993			
		GB_BA1:CGGDH	2037	X59404	Corynebacterium glutamicum, gdh gen for glutamate dehydrogenase.	Corynebacterium glutamicum	94.387	30-Jul-99			
		GB_BA1:PAE18494	1628	Y18494	Pseudomonas aeruginosa gdhA gene, strain PAC1.	Pseudomonas aeruginosa	62.247	6-Feb-99			
rxa02085	2358	GB_BA1:MTCY22G8	22550	Z95585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 49/162.	Mycobacterium tuberculosis	38.442	17-Jun-98			
		GB_BA1:MLCB33	42224	Z94723	Mycobacterium leprae cosmid B33.	Mycobacterium leprae	56.486	24-Jun-97			
		GB_BA1:ECOUW85	91414	M87049	E. coli genomic sequence of the region from 84.5 to 86.5 minutes.	Escherichia coli	52.127	28-MAY-1995			
rxa02093	927	GB_EST14:AA448146	452	AA448146	zw82h01.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:782737 5', Homo sapiens mRNA sequence.	Homo sapiens	34.163	4-Jun-97			
		GB_EST17:AA641937	444	AA641937	ns18b10.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1183983 5', Homo sapiens mRNA sequence.	Homo sapiens	35.586	27-OCT-1997			
		GB_PR3:AC003074	143029	AC003074	Human PAC clone DJ0598O09 from 7p15, complete sequence.	Homo sapiens	31.917	6-Nov-97			
rxa02108	1179	GB_BA1:SC1A6	37620	AL023496	Streptomyces coelicolor cosmid 1A6.	Streptomyces coelicolor	35.818	13-Jan-99			
		GB_PR4:AC005553	179651	AC005553	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.112_J_9, complete sequence.	Homo sapiens	34.274	31-DEC-1998			
		GB_EST3:R49746	397	R49746	yg71g10.r1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:38768 5' similar to gb:V00567 BETA-2-MICROGLOBULIN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.	Homo sapiens	41.162	18-MAY-1995			
rxa02111	1407	GB_BA1:SC6G10	36734	AL049497	Streptomyces coelicolor cosmid 6G10.	Streptomyces coelicolor	50.791	24-MAR-1999			
		GB_BA1:U00010	41171	U00010	Mycobacterium leprae cosmid B1170.	Mycobacterium leprae	37.563	01-MAR-1994			
		GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	39.504	24-Jun-99			
rxa02112	960	GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BAC R09D08 (D1101) RPCI-98 09.D.8 map 96F-96F strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 121 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	37.909	24-Sep-99			
		GB_GSS3:B09839	1191	B09839	T12A12-Sp6 TAMU Arabidopsis thaliana genomic clone T12A12, genomic survey sequence.	Arabidopsis thaliana	37.843	14-MAY-1997			
		GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BAC R09D08 (D1101) RPCI-98 09.D.8 map 96F-96F strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 121 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	37.909	24-Sep-99			
rxa02134	1044	GB_BA1:SCSECYDNA	6154	X83011	S.coelicolor secY locus DNA.	Streptomyces coelicolor	36.533	02-MAR-1998			
		GB_EST32:AI731696	568	AI731696	BNLGHi10165 Six-day Cotton fiber Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (AC004005) putative ribosomal protein L7 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence.	Gossypium hirsutum	33.451	11-Jun-99			
		GB_BA1:SCSECYDNA	6154	X83011	S.coelicolor secY locus DNA.	Streptomyces coelicolor	36.756	02-MAR-1998			

[0273]

표 4u

nxa02135	1197	GB_PR3:HS525L6	168111	AL023807	Human DNA sequence from clone RP3-525L6 on chromosome 6p22.3-23 Contains CA repeat, STSs, GSSs and a CpG island, complete sequence.	Homo sapiens	34,365	23-Nov-99
		GB_PL2:ATF21P8	85785	AL022347	Arabidopsis thaliana DNA chromosome 4, BAC clone F21P8 (ESSA project).	Arabidopsis thaliana	34,325	9-Jun-99
nxa02136	645	GB_PL2:U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana BAC T7I23, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	33,874	26-Jun-98
		GB_PL2:ATAC005819	57752	AC005819	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T3A4 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,123	3-Nov-98
		GB_PL2:F15K9	71097	AC005276	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F15K9 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	31,260	7-Nov-98
		GB_PL2:U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana BAC T7I23, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,281	26-Jun-98
nxa02139	1952	GB_BA1:MTCY190	34150	Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 98/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,904	17-Jun-98
		GB_BA1:MSGB1554CS	36548	L78814	Mycobacterium leprae cosmid B1554 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
		GB_BA1:MSGB1651CS	36548	L78813	Mycobacterium leprae cosmid B1651 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
nxa02153	903	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,104	1-Jul-98
		GB_BA1:AF005242	1044	AF005242	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase (argC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,224	2-Jul-97
		GB_BA1:CGARGCJBD	4355	X86157	C.glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
nxa02154	414	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,551	1-Jul-98
		GB_BA1:AF005242	1044	AF005242	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase (argC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,477	2-Jul-97
		GB_BA1:CGARGCJBD	4355	X86157	C.glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
nxa02155	1287	GB_BA1:CGARGCJBD	4365	X86157	C.glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99,767	25-Jul-96
		GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,378	1-Jul-98
		GB_BA1:MSGB1133CS	42106	L78811	Mycobacterium leprae cosmid B1133 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	55,504	15-Jun-96

[0274]

표 4v

rxa02156	1074	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	1-Jul-98
		GB_BA1:CGARGCJBD	4355	X86157	C.glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
rxa02157	1296	GB_BA2:AE001816	10007	AE001816	Thermotoga maritima section 123 of 136 of the complete genome.	Thermotoga maritima	50,238	2-Jun-99
		GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,612	1-Jul-98
		GB_BA1:CGARGCJBD	4355	X86157	C.glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99,612	25-Jul-96
rxa02158	1080	GB_BA1:MTCY08H11	38000	Z85982	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome: segment 73/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,278	17-Jun-98
		GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	1-Jul-98
		GB_BA2:AF031518	2045	AF031518	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,898	5-Jan-99
		GB_BA1:CGARGCJBD	4355	X86157	C.glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
rxa02159	636	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,843	1-Jul-98
		GB_BA2:AF031518	2045	AF031518	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	88,679	5-Jan-99
rxa02160	1326	GB_BA2:AF041436	516	AF041436	Corynebacterium glutamicum arginine repressor (argR) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	5-Jan-99
		GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,774	1-Jul-98
		GB_BA2:AF030520	1206	AF030520	Corynebacterium glutamicum argininosuccinate synthetase (argG) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,834	19-Nov-97
		GB_BA1:SCARGGH	1909	Z49111	S.clavuligerus argG gene and argH gene (partial).	Streptomyces clavuligerus	65,913	22-Apr-98

[0275]

표 4w

nxa02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), arginosuccinate synthase (argG), and	Corynebacterium glutamicum	88,524	1-Jul-98	
		GB_BA2:AF048764	1437	AF048764	argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds. Corynebacterium glutamicum argininosuccinate lyase (argH) gene,complete cds.	Corynebacterium glutamicum	87,561	1-Jul-98	
nxa02176	1251	GB_BA1:MTCY06H11 GB_BA1:MTCY31 GB_BA1:CGGLTG GB_PL2:PGU65399 GB_PR3:AC002468	38000 37630 3013 2700 115868	Z85982 Z73101 X66112 U65399 AC002468	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 73/162. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 41/162. C.glutamicum glt gene for citrate synthase and ORF. Basidiomycete CECT 20197 phenoloxidase (pox1) gene, complete cds. Human Chromosome 15q26.1 PAC clone pDJ417d7, complete sequence.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium tuberculosis Corynebacterium glutamicum basidiomycete CECT 20197 Homo sapiens	64,732 36,998 39,910 38,474 35,941	17-Jun-98 17-Jun-98 17-Feb-95 19-Jul-97 16-Sep-98	
nxa02189	861	GB_BA1:MSGB1970CS	38399	L78815	Mycobacterium leprae cosmid B1970 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	40,286	15-Jun-96	
nxa02193	1701	GB_PR3:AC002468 GB_BA1:BRLASPA GB_PAT:E04307 GB_BA1:ECOUW93 GB_BA2:AF050166	115868 1987 1581 338524 840	AC002468 D25316 E04307 U14003 AF050166	Human Chromosome 15q26.1 PAC clone pDJ417d7, complete sequence. Brevibacterium flavum aspA gene for aspartase, complete cds. DNA encoding Brevibacterium flavum aspartase. Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes. Corynebacterium glutamicum ATP phosphoribosyltransferase (hisG) gene,	Homo sapiens Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Escherichia coli Corynebacterium glutamicum	33,689 99,353 99,367 37,651 98,214	16-Sep-98 6-Feb-99 29-Sep-97 17-Apr-96 5-Jan-99	
nxa02194	966	GB_BA1:BRLASPA GB_PAT:E08649 GB_BA2:AF086704	1987 188 264	D25316 E08649 AF086704	complete cds. Brevibacterium flavum aspA gene for aspartase, complete cds. DNA encoding part of aspartase from coryneform bacteria. Corynebacterium glutamicum phosphoribosyl-ATP-pyrophosphohydrolase	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum	93,805 100,000 100,000	6-Feb-99 29-Sep-97 8-Feb-99	
nxa02195	393	GB_BA1:EAY17145	6019	Y17145	(hisE) gene, complete cds. Eubacterium acidaminophilum grdR, grdI, grdH genes and partial ldc, grdT genes.	Eubacterium acidaminophilum	38,075	5-Aug-98	
nxa02197	551	GB_STS:G01195 GB_BA1:MTCY2B1 GB_BA1:MLCB2533 GB_BA1:U00017 GB_BA1:U00017 GB_BA1:MLCB2533 GB_BA1:MTCY2B1 GB_BA1:U00017 GB_BA1:U00017	332 27322 40245 42157 42157 40245 27322 42157 185300	G01195 Z97559 AL035310 U00017 U00017 AL035310 Z97559 U00017 AF000063	fruit fly STS Dm1930 clone DS06359 T7. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 95/162. Mycobacterium leprae cosmid B2533. Mycobacterium leprae cosmid B2126. Mycobacterium leprae cosmid B2533. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 95/162. Mycobacterium leprae cosmid B2126. Aeropyrum pernix genomic DNA, section 6/7.	Drosophila melanogaster Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Mycobacterium leprae Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Aeropyrum pernix	35,542 33,938 65,517 36,770 38,674 65,465 37,677 59,823 39,442	28-Feb-95 17-Jun-98 27-Aug-99 01-MAR-1994 27-Aug-99 17-Jun-98 01-MAR-1994 22-Jun-99 29-DEC-1998	
nxa02208	1025	GB_PR4:AC006236 GB_BA1:MSGY154 GB_BA1:MTCY154 GB_BA1:U00019 GB_BA1:MSGB837CS	127593 40221 13935 36033 38914	AC006236 AD000002 Z98209 U00019 L78820	Homo sapiens chromosome 17, clone hCIT.162_E_12, complete sequence. Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y154. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 121/162. Mycobacterium leprae cosmid B2235. Mycobacterium leprae cosmid B837 DNA sequence.	Homo sapiens Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Mycobacterium leprae	37,191 53,641 40,407 40,641 66,027	03-DEC-1998 17-Jun-98 01-MAR-1994 15-Jun-96 18-Jun-98	
nxa02229	948								
nxa02234	3462	GB_BA1:MTCY2B12 GB_BA2:U01072	20431 4393	Z81011 U01072	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162. Mycobacterium bovis BCG orotidine-5-monophosphate decarboxylase (uraA) gene.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium bovis	71,723 67,101	22-DEC-1993	

[0276]

표 4x

rxa02235	727	GB_BA1:MSU91572	980	U91572	Mycobacterium smegmatis carbamoyl phosphate synthetase (pyrAB) gene, partial cds and orotidine 5'-monophosphate decarboxylase (pyrF) gene, complete cds.	Mycobacterium smegmatis	60,870	22-MAR-1997		
		GB_HTG3:AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99		
		GB_HTG3:AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99		
rxa02237	693	GB_BA1:MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome: segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,844	23-Jun-98		
		GB_BA2:AF077324	5228	AF077324	Rhodococcus equi strain 103 plasmid RE-VP1 fragment f.	Rhodococcus equi	41,185	5-Nov-98		
		GB_EST22:AU017763	586	AU017763	AU017763 Mouse two-cell stage embryo cDNA Mus musculus cDNA clone J0744A04 3', mRNA sequence.	Mus musculus	38,816	19-OCT-1998		
rxa02239	1389	GB_BA1:MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome: segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	56,282	23-Jun-98		
		GB_HTG3:AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99		
		GB_HTG3:AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99		
rxa02240	1344	EM_PAT:E09855	1239	E09855	gDNA encoding S-adenosylmethionine synthetase.	Corynebacterium glutamicum	99,515	07-OCT-1997 (Rel. 52, Created)		
		GB_PAT:A37831	5392	A37831	Sequence 1 from Patent WO9408014.	Streptomyces prasinaespiralis	63,568	06-MAR-1997		
		GB_BA2:AF117274	2303	AF117274	Streptomyces spectabilis flavoprotein homolog Dfp (dfp) gene, partial cds; and S-adenosylmethionine synthetase (metK) gene, complete cds.	Streptomyces spectabilis	65,000	31-MAR-1999		
rxa02246	1107	EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)		
		GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	29-Sep-97		
		GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	52,909	6-Feb-97		
		GB_PAT:I32743	2689	I32743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	57,937	6-Feb-97		
rxa02247	756	EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	57,937	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)		
		GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	57,937	6-Feb-97		
rxa02248	1389	GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	61,843	6-Feb-97		
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	61,843	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)		
		GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	61,843	29-Sep-97		
rxa02249	600	GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	64,346	29-Sep-97		
		GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97		
		GB_PAT:I32743	2689	I32743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97		

[0277]

표 4y

rxa02250	643	GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	56,318	29-Sep-97
		GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	56,318	56,318	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	56,318	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
rxa02262	1269	GB_BA1:CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' soxA gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	100,000	7-Jan-99
		GB_BA1:CGAMTGENE	2028	X93513	C.glutamicum amt gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	100,000	29-MAY-1996
		GB_VI:HEHCMVCG	229354	X17403	Human cytomegalovirus strain AD169 complete genome.	human herpesvirus 5	38,651	38,651	10-Feb-99
rxa02263	488	GB_BA1:CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' soxA gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	100,000	7-Jan-99
		GB_BA1:CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' soxA gene.	Corynebacterium glutamicum	37,526	37,526	7-Jan-99
rxa02272	1368	EM_PAT:E09373	1591	E09373	Creatinine deiminase gene.	Bacillus sp.	96,928	96,928	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
		GB_BA1:D38505	1591	D38505	Bacillus sp. gene for creatinine deaminase, complete cds.	Bacillus sp.	96,781	96,781	7-Aug-98
		GB_HTG2:AC006595	146070	AC006595	Homo sapiens, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 4 unordered pieces.	Homo sapiens	36,264	36,264	20-Feb-99
rxa02281	1545	GB_GSS12:AQ411010	551	AQ411010	HS_2257_B1_H02_MR CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=2257 Col=3 Row=P, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,197	36,197	17-MAR-1999
		GB_EST23:AI128623	363	AI128623	qa62c01.s1 Soares_fetal_heart_NbHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1691328 3', mRNA sequence.	Homo sapiens	37,017	37,017	05-OCT-1998
		GB_PL2:ATAC007019	102335	AC007019	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F7D8 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	33,988	33,988	16-MAR-1999
rxa02299	531	GB_BA2:AF116184	540	AF116184	Corynebacterium glutamicum L-aspartate-alpha-decarboxylase precursor (panD) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	100,000	02-MAY-1999
		GB_GSS9:AQ164310	507	AQ164310	HS_2171_A2_E01_MR CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=2171 Col=2 Row=I, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,278	37,278	16-OCT-1998
		GB_VI:MH68TKH	4557	X93468	Murine herpesvirus type 68 thymidine kinase and glycoprotein H genes.	murine herpesvirus 68	40,288	40,288	3-Sep-96
rxa02311	813	GB_HTG4:AC006091	176878	AC006091	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48G05 (D475) RPCI-98 48.G.5 map 91F1-91F13 strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 4 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	36,454	36,454	27-OCT-1999
		GB_HTG4:AC006091	176878	AC006091	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48G05 (D475) RPCI-98 48.G.5 map 91F1-91F13 strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 4 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	36,454	36,454	27-OCT-1999

[0278]

표 4z

		GB_BA2:RRU55510	16259	U55510	Rhodospirillum rubrum CO-induced hydrogenase operon (cooM, cooK, cooL, cooX, cooU, cooH) genes, iron sulfur protein (cooF) gene, carbon monoxide dehydrogenase (cooS) gene, carbon monoxide dehydrogenase accessory proteins (cooC, cooT, cooJ) genes, putative transcriptional activator (cooA) gene, nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase (nadC) gene, complete cds, L-aspartate oxidase (nadB) gene, and alkyl hydroperoxide reductase (ahpC) gene, partial cds.	Rhodospirillum rubrum	37,828	9-Apr-97	
rxa02315	1752	GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	49,418	03-DEC-1996	
		GB_BA1:MTY25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	49,360	17-Jun-98	
		GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	38,150	03-DEC-1996	
rxa02318	402	GB_HTG3:AC011348	111083	AC011348	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	35,821	06-OCT-1999	
		GB_HTG3:AC011348	111083	AC011348	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	35,821	06-OCT-1999	
		GB_HTG3:AC011412	89234	AC011412	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT978SKB_81K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	36,181	06-OCT-1999	
rxa02319	1080	GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	37,792	03-DEC-1996	
		GB_BA1:MTY25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,792	17-Jun-98	
		GB_EST23:AI117213	476	AI117213	ub83h02.r1 Soares 2NbMT Mus musculus cDNA clone IMAGE:1395123 5', mRNA sequence.	Mus musculus	35,084	2-Sep-98	
rxa02345	1320	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B.ammoniagenes purK and purE genes.	Corynebacterium ammoniagenes	61,731	14-Jan-97	
		GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 141/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,624	10-Feb-99	
rxa02350	618	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B.ammoniagenes purK and purE genes.	Corynebacterium ammoniagenes	64,286	14-Jan-97	
		GB_PL1:SC130KGXV	129528	X94335	S.cerevisiae 130kb DNA fragment from chromosome XV.	Saccharomyces cerevisiae	36,617	15-Jul-97	
		GB_PL1:SCXVORFS	50984	X90518	S.cerevisiae DNA of 51 Kb from chromosome XV right arm.	Saccharomyces cerevisiae	36,617	1-Nov-95	
rxa02373	1038	GB_PAT:E00311	1853	E00311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	56,123	29-Sep-97	
		GB_PAT:I06030	1853	I06030	Sequence 4 from Patent EP 0305608.	Unknown.	56,220	02-DEC-1994	
		GB_PAT:I00836	1853	I00836	Sequence 1 from Patent US 4768514.	Unknown.	56,220	21-MAY-1993	
rxa02375	1350	GB_BA2:CGU31230	3005	U31230	Corynebacterium glutamicum Obg protein homolog gene, partial cds, gamma glutamyl kinase (proB) gene, complete cds, and (unkdh) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,332	2-Aug-96	
		GB_HTG3:AC009946	169072	AC009946	Homo sapiens clone NH0012C17, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 1 unordered pieces.	Homo sapiens	36,115	8-Sep-99	
		GB_HTG3:AC009946	169072	AC009946	Homo sapiens clone NH0012C17, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 1 unordered pieces.	Homo sapiens	36,115	8-Sep-99	
rxa02380	777	GB_BA1:MTCY253	41230	Z81368	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 108/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,088	17-Jun-98	
		GB_HTG4:AC010658	120754	AC010658	Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPCI98-3B20, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,817	16-OCT-1999	
		GB_HTG4:AC010658	120754	AC010658	Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPCI98-3B20, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,817	16-OCT-1999	

[0279]

표 4aa

nxa02382	1419	GB_BA1:CGPROAGEN	1783	X82929	C.glutamicum proA gene.	Corynebacterium glutamicum	98,802	23-Jan-97
		GB_BA1:MTCY428	26914	Z81451	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 107/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,054	17-Jun-98
		GB_BA2:CGU31230	3005	U31230	Corynebacterium glutamicum Obg protein homolog gene, partial cds, gamma glutamyl kinase (proB) gene, complete cds, and (unkdh) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,529	2-Aug-96
nxa02400	693	GB_BA1:CGACEA	2427	X75504	C.glutamicum aceA gene and thiX genes (partial).	Corynebacterium glutamicum	100,000	9-Sep-94
		GB_PAT:I86191	2135	I86191	Sequence 3 from patent US 5700651.	Unknown.	100,000	10-Jun-98
		GB_PAT:I13693	2135	I13693	Sequence 3 from patent US 5439822.	Unknown.	100,000	26-Sep-95
nxa02432	1098	GB_GSS15:AQ606842	574	AQ606842	HS_5404_B2_E07_T7A RPCI-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=980 Col=14 Row=J, genomic survey sequence.	Homo sapiens	39,716	10-Jun-99
		GB_EST1:T05804	406	T05804	EST03893 Fetal brain, Stratagene (cat#936206) Homo sapiens cDNA clone HFBDG63 similar to EST containing Alu repeat, mRNA sequence.	Homo sapiens	37,915	30-Jun-93
		GB_PL1:AB006899	77363	AB006899	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone: MDJ22, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	35,526	20-Nov-99
nxa02458	1413	GB_BA2:AF114233	1852	AF114233	Corynebacterium glutamicum 5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase (aroA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	7-Feb-99
		GB_EST37:AW013061	578	AW013061	ODT-0033 Winter flounder ovary Pleuronectes americanus cDNA clone ODT-0033 5' similar to FRUCTOSE-BISPHOSPHATE ALDOLASE B (LIVER), mRNA sequence.	Pleuronectes americanus	39,175	10-Sep-99
		GB_GSS15:AQ650027	728	AQ650027	Sheared DNA-5L2, TF Sheared DNA Trypanosoma brucei genomic clone Sheared DNA-5L2, genomic survey sequence.	Trypanosoma brucei	39,281	22-Jun-99
nxa02469	1554	GB_BA1:MTCY359	36021	Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 84/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,634	17-Jun-98
		GB_BA1:MLCB1788	39228	AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788.	Mycobacterium leprae	59,343	27-Aug-99
		GB_BA1:SCAJ10601	4692	AJ010601	Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for whiD and whiK loci.	Streptomyces coelicolor	48,699	17-Sep-98
nxa02497	1050	GB_BA2:CGU31224	422	U31224	Corynebacterium glutamicum (ppx) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	96,445	2-Aug-96
		GB_BA1:MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	59,429	17-Jun-98
		GB_BA1:SCE7	16911	AL049819	Streptomyces coelicolor cosmid E7.	Streptomyces coelicolor	39,510	10-MAY-1999
nxa02499	933	GB_BA2:CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline:NADP+ 5-oxidoreductase (proC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,749	2-Aug-96
		GB_BA1:NG17PILA	1920	X13965	Neisseria gonorrhoeae pilA gene.	Neisseria gonorrhoeae	43,249	30-Sep-93
		GB_HTG2:AC007984	129715	AC007984	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR05C10 (D781) RPCI-98 05.C.10 map 97D-97E strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 87 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	33,406	2-Aug-99
nxa02501	1188	GB_BA1:MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,357	17-Jun-98
		GB_BA1:U00018	42991	U00018	Mycobacterium leprae cosmid B2168.	Mycobacterium leprae	51,768	01-MAR-1994
		GB_VI:HE1CG	152261	X14112	Herpes simplex virus (HSV) type 1 complete genome.	human herpesvirus 1	39,378	17-Apr-97
nxa02503	522	GB_PR3:AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28660, complete sequence.	Homo sapiens	39,922	28-Jul-98
		GB_PR3:AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28634, complete sequence.	Homo sapiens	39,922	3-Sep-98
		GB_PR3:AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28660, complete sequence.	Homo sapiens	34,911	28-Jul-98
nxa02504	681	GB_BA1:MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	54,940	17-Jun-98
		GB_PR3:AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28660, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	28-Jul-98
		GB_PR3:AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28634, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	3-Sep-98
nxa02516	1386	GB_BA1:MLCL536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium leprae	37,723	04-DEC-1998

[0280]

표 4ab

		GB_BA1:U00013	35881	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1496.	Mycobacterium leprae	37,723	01-MAR-1994		
		GB_BA1:MTV007	32806	AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 64/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,335	17-Jun-98		
nra02517	570	GB_BA1:MLCL536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium leprae	37,018	04-DEC-1998		
		GB_BA1:U00013	35881	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1496.	Mycobacterium leprae	37,018	01-MAR-1994		
		GB_BA1:SCC22	22115	AL096839	Streptomyces coelicolor cosmid C22.	Streptomyces coelicolor	37,071	12-Jul-99		
nra02532	1170	GB_OV:AF137219	831	AF137219	Amia calva mixed lineage leukemia-like protein (Mll) gene, partial cds.	Amia calva	36,853	7-Sep-99		
		GB_EST30:AI645057	301	AI645057	vs52a10.y1 Stratagene mouse TcellI 937311 Mus musculus cDNA clone IMAGE:1498822 5', mRNA sequence.	Mus musculus	41,860	29-Apr-99		
		GB_EST20:AA822595	429	AA822595	vs52a10.r1 Stratagene mouse TcellI 937311 Mus musculus cDNA clone IMAGE:1498822 5', mRNA sequence.	Mus musculus	42,353	17-Feb-98		
nra02536	879	GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	Homo sapiens chromosome 8 clone PAC 172N13 map 8q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999		
		GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	Homo sapiens chromosome 8 clone PAC 172N13 map 8q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999		
		GB_PL1:ATT12J5	84499	AL035522	Arabidopsis thaliana DNA chromosome 4, BAC clone T12J5 (ESSA/I project).	Arabidopsis thaliana	35,663	24-Feb-99		
nra02550	1434	GB_BA1:MTCY279	9150	Z97991	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 17/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,773	17-Jun-98		
		GB_BA1:MSGB1970CS	39390	L78815	Mycobacterium leprae cosmid B1970 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,024	15-Jun-96		
		GB_BA2:SC2H4	25970	AL031514	Streptomyces coelicolor cosmid 2H4.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,806	19-OCT-1999		
nra02559	1026	GB_BA1:MTV004	69350	AL009198	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 144/162.	Mycobacterium tuberculosis	47,358	18-Jun-98		
		GB_PAT:128684	5100	I28684	Sequence 1 from patent US 5573915.	Unknown.	39,138	6-Feb-97		
		GB_BA1:MTU27357	5100	U27357	Mycobacterium tuberculosis cyclopropane mycolic acid synthase (cmaA1) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	39,138	26-Sep-95		
nra02622	1683	GB_BA2:AE001780	11997	AE001780	Thermotoga maritima section 92 of 136 of the complete genome.	Thermotoga maritima	44,914	2-Jun-99		
		GB_OV:AF064564	49254	AF064564	Fugu rubripes neurofibromatosis type 1 (NF1), A-kinase anchor protein (AKAP84), BAW protein (BAW), and WSB1 protein (WSB1) genes, complete cds.	Fugu rubripes	39,732	17-Aug-99		
		GB_OV:AF064564	49254	AF064564	Fugu rubripes neurofibromatosis type 1 (NF1), A-kinase anchor protein (AKAP84), BAW protein (BAW), and WSB1 protein (WSB1) genes, complete cds.	Fugu rubripes	36,703	17-Aug-99		
nra02623	714	GB_GSS5:AQ818728	444	AQ818728	HS_5268_A1_G09_SP6E RPCI-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=644 Col=17 Row=M, genomic survey sequence.	Homo sapiens	38,801	26-Aug-99		
		GB_HTG5:AC011083	196586	AC011083	Homo sapiens chromosome 9 clone RP11-111M7 map 9, WORKING DRAFT SEQUENCE, 51 unordered pieces.	Homo sapiens	35,714	19-Nov-99		
		GB_GSS6:AQ826948	544	AQ826948	HS_5014_A2_C12_T7A RPCI-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=590 Col=24 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	39,146	27-Aug-99		
nra02629	708	GB_VI:BRSMGP	462	M86552	Bovine respiratory syncytial virus membrane glycoprotein mRNA, complete cds.	Bovine respiratory syncytial virus	37,013	28-Apr-93		
		GB_VI:BRSMGP	462	M86552	Bovine respiratory syncytial virus membrane glycoprotein mRNA, complete cds.	Bovine respiratory syncytial virus	37,013	28-Apr-93		

[0281]

표 4ac

rxa02845	1953	GB_PAT:A45577	1925	A45577	Sequence 1 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	39,130	07-MAR-1997
		GB_PAT:A45581	1925	A45581	Sequence 5 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	39,130	07-MAR-1997
		GB_BA1:CORILVA	1925	L01508	Corynebacterium glutamicum threonine dehydratase (ilvA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,130	28-Apr-93
rxa02846	1392	GB_BA1:CORILVA	1925	L01508	Corynebacterium glutamicum threonine dehydratase (ilvA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,138	28-Apr-93
		GB_PAT:A45585	1925	A45585	Sequence 9 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	99,066	07-MAR-1997
		GB_PAT:A45583	1925	A45583	Sequence 7 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	99,066	07-MAR-1997
rxa02848	1326	GB_OV:ICTCNC	2049	M83111	Ictalurus punctatus cyclic nucleotide-gated channel RNA sequence.	Ictalurus punctatus	38,402	24-MAY-1993
		GB_EST11:AA265464	345	AA265464	mx91c08.r1 Soares mouse NML Mus musculus cDNA clone IMAGE:693706 5', mRNA sequence.	Mus musculus	38,655	20-MAR-1997
		GB_GSS8:AQ006950	480	AQ006950	CIT-HSP-2294E14.TR CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2294E14, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,074	27-Jun-98
rxa02853								
rxa02687	1068	GB_BA1:CORPHEA	1088	M13774	C.glutamicum pheA gene encoding prephenate dehydratase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,715	26-Apr-93
		GB_PAT:E04483	948	E04483	DNA encoding prephenate dehydratase.	Corynebacterium glutamicum	98,523	29-Sep-97
		GB_PAT:E06110	948	E06110	DNA encoding prephenate dehydratase.	Corynebacterium glutamicum	98,523	29-Sep-97
rxa02717	1005	GB_PL1:HVCH4H	59748	Y14573	Hordeum vulgare DNA for chromosome 4H.	Hordeum vulgare	36,593	25-MAR-1999
		GB_PR2:HS310H5	29718	Z69705	Human DNA sequence from cosmid 310H5 from a contig from the tip of the short arm of chromosome 16, spanning 2Mb of 16p13.3. Contains EST and CpG island.	Homo sapiens	36,089	22-Nov-99
		GB_PR3:AC004754	39188	AC004754	Homo sapiens chromosome 16, cosmid clone RT286 (LANL), complete sequence.	Homo sapiens	36,089	28-MAY-1998
rxa02754	1461	GB_HTG2:AC008223	130212	AC008223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR16I18 (D815) RPCI-98 16I.18 map 95A-95A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 101 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	32,757	2-Aug-99
		GB_HTG2:AC008223	130212	AC008223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR16I18 (D815) RPCI-98 16I.18 map 95A-95A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 101 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	32,757	2-Aug-99
rxa02758	1422	GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 141/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,838	10-Feb-99
		GB_HTG5:AC011678	171967	AC011678	Homo sapiens clone 14_B_7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 20 unordered pieces.	Homo sapiens	35,331	5-Nov-99
		GB_HTG5:AC011678	171967	AC011678	Homo sapiens clone 14_B_7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 20 unordered pieces.	Homo sapiens	33,807	5-Nov-99
		GB_BA2:AF064070	23183	AF064070	Burkholderia pseudomallei putative dihydroorotase (pyrC) gene, partial cds; putative 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (plsC), putative diadenosine tetraphosphatase (apaH), complete cds; type II O-antigen biosynthesis gene cluster, complete sequence; putative undecaprenyl phosphate N-acetylglucosaminyltransferase, and putative UDP-glucose 4-epimerase genes, complete cds; and putative galactosyl transferase gene, partial cds.	Burkholderia pseudomallei	36,929	20-Jan-99

[0282]

표 4ad

rxa02771	678	GB_BA2:AF038651	4077	AF038651	Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dciAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apt) and GTP pyrophosphokinase	Corynebacterium glutamicum	99,852	14-Sep-98		
		GB_IN1:CELT19B4	37121	U80438	Caenorhabditis elegans cosmid T19B4,	Caenorhabditis elegans	43,836	04-DEC-1996		
		GB_EST36:AV193572	360	AV193572	AV193572 Yuji Kohara unpublished cDNA:Strain N2 hermaphrodite embryo	Caenorhabditis elegans	48,568	22-Jul-99		
rxa02772	1158	GB_BA2:AF038651	4077	AF038651	Caenorhabditis elegans cDNA clone yk618h8 5', mRNA sequence. Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dciAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apt) and GTP pyrophosphokinase	Corynebacterium glutamicum	99,914	14-Sep-98		
		GB_BA1:MTCY227	35946	Z77724	(rel) genes, complete cds; and unknown gene. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 114/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,339	17-Jun-98		
		GB_BA1:U00011	40429	U00011	Mycobacterium leprae cosmid B177.	Mycobacterium leprae	38,996	01-MAR-1994		
rxa02790	1286	GB_BA1:MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,640	17-Jun-98		
		GB_PR4:AC006581	172931	AC006581	Homo sapiens 12p21 BAC RPCI11-259O18 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	37,906	3-Jun-99		
		GB_PR4:AC006581	172931	AC006581	Homo sapiens 12p21 BAC RPCI11-259O18 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	35,280	3-Jun-99		
rxa02791	951	GB_BA1:MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,765	17-Jun-98		
		GB_OV:CHKCEK2	3694	M35195	Chicken tyrosine kinase (cek2) mRNA, complete cds.	Gallus gallus	38,637	28-Apr-93		
		GB_BA1:MSASDASK	5037	Z17372	M.smegmatis asd, ask-alpha, and ask-beta genes.	Mycobacterium smegmatis	38,495	9-Aug-94		
rxa02802	1194	GB_EST24:AI223401	169	AI223401	qg48g01.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1838448 3' similar to WP:C25D7.8 CE08394 ;; mRNA sequence.	Homo sapiens	40,828	27-OCT-1998		
		GB_EST24:AI223401	169	AI223401	qg48g01.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1838448 3' similar to WP:C25D7.8 CE08394 ;; mRNA sequence.	Homo sapiens	40,828	27-OCT-1998		
rxa02814	494	GB_BA1:MTCY7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 138/162.	Mycobacterium tuberculosis	58,418	17-Jun-98		
		GB_BA1:MTCY7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 138/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,496	17-Jun-98		
		GB_PR1:HSAJ2662	778	AJ002662	Homo sapiens mRNA for hB-FABP.	Homo sapiens	39,826	8-Jan-98		
rxa02843	608	GB_BA1:CGAJ4934	1160	AJ004934	Corynebacterium glutamicum dapD gene, complete CDS.	Corynebacterium glutamicum	100,000	17-Jun-98		
		GB_BA1:MTCI364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 52/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,710	17-Jun-98		
		GB_BA1:MLU15180	38675	U15180	Mycobacterium leprae cosmid B1756.	Mycobacterium leprae	39,626	09-MAR-1995		
		GB_BA1:BLSIGBGN	2806	Z49824	B.lactofermentum orf1 gene and sigB gene.	Corynebacterium glutamicum	98,854	25-Apr-96		
rxs03205	963	GB_EST21:AA980237	377.	AA980237	ue52a12.r1 Soares_mammary_gland_NbMMG Mus musculus cDNA clone IMAGE:1348414 5' similar to TR:Q61025 Q61025 HYPOTHETICAL 15.2 KD PROTEIN ;; mRNA sequence.	Mus musculus	41,489	27-MAY-1998		
		GB_EST23:AI158316	371	AI158316	ud27c05.r1 Soares_thymus_2NbMT Mus musculus cDNA clone IMAGE:1447112 5', mRNA sequence.	Mus musculus	38,005	30-Sep-98		
rxs03223	1237	GB_IN1:LMFL2743	38368	AL031910	Leishmania major Friedlin chromosome 4 cosmid L2743.	Leishmania major	39,869	15-DEC-1999		
		GB_PR3:HSDJ61B2	119666	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 Contains isoforms 1 and 3 of BPAG1 (bullous pemphigoid antigen 1 (230/240kD), an exon of a gene similar to murine MACF cytoskeletal protein, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	34,930	17-DEC-1999		
		GB_PR3:HSDJ61B2	119666	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 Contains isoforms 1 and 3 of BPAG1 (bullous pemphigoid antigen 1 (230/240kD), an exon of a gene similar to murine MACF cytoskeletal protein, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	34,634	17-DEC-1999		

[0283]

서 열 목 록

<110> BASF Aktiengesellschaft
<120> CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM GENES ENCODING
METABOLIC PATHWAY PROTEINS
<130> BGI-121CP2PC
<140>
<141>
<150> 09/606740
<151> 2000-06-23
<150> 60/187970
<151> 2000-03-09
<160> 125
<170> PatentIn Vers. 2.0
<210> 1
<211> 1840
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (363)..(1676)
<400> 1
cagaaactgt gtgcagaaat gcatgcagaa aaaggaaagt tcgggccaag atgggtgttt 60
ctgtatgccg atgatcggat ctttgacagc tgggtatgcg acaaatcacc gagagttgtt 120

aattcttaac aatggaaaag taacattgag agatgattta taccatcctg caccatttag 180
agtggggcta gtcatacccc cataacccta gctgtacgca atcgatttca aatcagttgg 240
aaaaagtcaa gaaaattacc cgagaattaa tttataccac acagtctatt gcaatagacc 300
aagctgttca gtagggtgca tgggagaaga atttcctaat aaaaactctt aaggacctcc 360
aa atg cca aag tac gac aat tcc aat gct gac cag tgg ggc ttt gaa 407
Met Pro Lys Tyr Asp Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu
1 5 10 15

acc cgc tcc att cac gca ggc cag tca gta gac gca cag acc agc gca 455
Thr Arg Ser Ile His Ala Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala
20 25 30
cga aac ctt ccg atc tac caa tcc acc gct ttc gtg ttc gac tcc gct 503
Arg Asn Leu Pro Ile Tyr Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala
35 40 45
gag cac gcc aag cag cgt ttc gca ctt gag gat cta ggc cct gtt tac 551
Glu His Ala Lys Gln Arg Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr
50 55 60
tcc cgc ctc acc aac cca acc gtt gag gct ttg gaa aac cgc atc gct 599
Ser Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala
65 70 75
tcc ctc gaa ggt ggc gtc cac gct gta gcg ttc tcc tcc gga cag gcc 647
Ser Leu Glu Gly Gly Val His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala

80 85 90 95
gca acc acc aac gcc att ttg aac ctg gca gga gcg ggc gac cac atc 695
Ala Thr Thr Asn Ala Ile Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile
100 105 110
gtc acc tcc cca cgc ctc tac ggt ggc acc gag act cta ttc ctt atc 743
Val Thr Ser Pro Arg Leu Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Leu Ile
115 120 125

act ctt aac cgc ctg ggt atc gat gtt tcc ttc gtg gaa aac ccc gac 791
Thr Leu Asn Arg Leu Gly Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp
130 135 140
gac cct gag tcc tgg cag gca gcc gtt cag cca aac acc aaa gca ttc 839
Asp Pro Glu Ser Trp Gln Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe
145 150 155
ttc ggc gag act ttc gcc aac cca cag gca gac gtc ctg gat att cct 887

Phe Gly Glu Thr Phe Ala Asn Pro Gln Ala Asp Val Leu Asp Ile Pro
160 165 170 175
gcg gtg gct gaa gtt gcg cac cgc aac agc gtt cca ctg atc atc gac 935
Ala Val Ala Glu Val Ala His Arg Asn Ser Val Pro Leu Ile Ile Asp
180 185 190
aac acc atc gct acc gca gcg ctc gtg cgc ccg ctc gag ctc ggc gca 983
Asn Thr Ile Ala Thr Ala Ala Leu Val Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala

195 200 205

```
gac gtt gtc gtc gct tcc ctc acc aag ttc tac acc ggc aac ggc tcc   1031
Asp Val Val Val Ala Ser Leu Thr Lys Phe Tyr Thr Gly Asn Gly Ser
        210                 215                 220
gga ctg ggc ggc gtg ctt atc gac ggc gga aag ttc gat tgg act gtc   1079
Gly Leu Gly Gly Val Leu Ile Asp Gly Gly Lys Phe Asp Trp Thr Val
    225                 230                 235

gaa aag gat gga aag cca gta ttc ccc tac ttc gtc act cca gat gct   1127
Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Phe Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala
240                 245                 250                 255
gct tac cac gga ttg aag tac gca gac ctt ggt gca cca gcc ttc ggc   1175
Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly
                260                 265                 270
ctc aag gtt cgc gtt ggc ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc ctc tcc   1223

Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser
            275                 280                 285
gca ttc aac gca tgg gct gca gtc cag ggc atc gac acc ctt tcc ctg   1271
Ala Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu
        290                 295                 300
cgc ctg gag cgc cac aac gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa ttc ctc   1319
Arg Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu

    305                 310                 315
aac aac cac gag aag gtg gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg aag gat   1367
Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp
320                 325                 330                 335
tcc cct tgg tac gca acc aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac acc ggc   1415
Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly
                340                 345                 350

tcc gtt ctc acc ttc gag atc aag ggc ggc aag gat gag gct tgg gca   1463
Ser Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala
            355                 360                 365
ttt atc gac gcc ctg aag cta cac tcc aac ctt gca aac atc ggc gat   1511
Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp
        370                 375                 380
gtt cgc tcc ctc gtt gtt cac cca gca acc acc acc cat tca cag tcc   1559

Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser
    385                 390                 395
gac gaa gct ggc ctg gca cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc gtc cgc   1607
Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg
400                 405                 410                 415
ctg tcc gtt ggc atc gag acc att gat gat atc atc gct gac ctc gaa   1655
Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu

                420                 425                 430
ggc ggc ttt gct gca atc tag ctttaaatag actcacccca gtgcttaaag      1706
Gly Gly Phe Ala Ala Ile
            435
cgctgggttt ttctttttca gactcgtgag aatgcaaact agactagaca gagctgtcca 1766
tatacactgg acgaagtttt agtcttgtcc acccagaaca ggcggttatt ttcatgccca 1826
ccctcgcgcc ttca                                                  1840

<210> 2
<211> 437
```

<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 2

```
Met Pro Lys Tyr Asp Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu Thr
  1               5                  10                  15

Arg Ser Ile His Ala Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg
             20                  25                  30
Asn Leu Pro Ile Tyr Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu
         35                  40                  45
His Ala Lys Gln Arg Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser
     50                  55                  60
Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser

 65                  70                  75                  80
Leu Glu Gly Gly Val His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala
                 85                  90                  95
Thr Thr Asn Ala Ile Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val
            100                 105                 110
Thr Ser Pro Arg Leu Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Leu Ile Thr
        115                 120                 125

Leu Asn Arg Leu Gly Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp
    130                 135                 140
Pro Glu Ser Trp Gln Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe
145                 150                 155                 160
Gly Glu Thr Phe Ala Asn Pro Gln Ala Asp Val Leu Asp Ile Pro Ala
                165                 170                 175
Val Ala Glu Val Ala His Arg Asn Ser Val Pro Leu Ile Ile Asp Asn

            180                 185                 190
Thr Ile Ala Thr Ala Ala Leu Val Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala Asp
        195                 200                 205
Val Val Val Ala Ser Leu Thr Lys Phe Tyr Thr Gly Asn Gly Ser Gly
    210                 215                 220
Leu Gly Gly Val Leu Ile Asp Gly Gly Lys Phe Asp Trp Thr Val Glu
225                 230                 235                 240

Lys Asp Gly Lys Pro Val Phe Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala
                245                 250                 255
Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu
            260                 265                 270
Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser Ala
        275                 280                 285
Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg

    290                 295                 300
Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn
305                 310                 315                 320
Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp Ser
                325                 330                 335
Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly Ser
            340                 345                 350

Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala Phe
        355                 360                 365
Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp Val
```

```
    370                 375                 380
Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp
385                 390                 395                 400
Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu

                405                 410                 415
Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly
            420                 425                 430
Gly Phe Ala Ala Ile
        435
<210> 3
<211> 1495

<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (287)..(1264)
<400> 3
ccatggtttc ctcagcggaa acggcttggc tatcagcact ttcacccgaa cagcctgcaa 60

gaagtgcgac ggctaacagg gctgggattg tcctcaactt cacttcgggc tccttcttag 120
taataggttc gtagaaaagt ttactagcct agagagtatg cgatttcctg aactcgaaga 180
attgaagaat cgccggacct tgaaatggac ccggtttcca gaagacgtgc ttcctttgtg 240
ggttgcggaa agtgattttg gcacctgccc gcagttgaag gaagct atg gca gat    295
                                                    Met Ala Asp
                                                      1
gcc gtt gag cgc gag gtc ttc gga tac cca cca gat gct act ggg ttg   343

Ala Val Glu Arg Glu Val Phe Gly Tyr Pro Pro Asp Ala Thr Gly Leu
      5                  10                  15
aat gat gcg ttg act gga ttc tac gag cgt cgc tat ggg ttt ggc cca   391
Asn Asp Ala Leu Thr Gly Phe Tyr Glu Arg Arg Tyr Gly Phe Gly Pro
 20                  25                  30                  35
aat ccg gaa agt gtt ttc gcc att ccg gat gtg gtt cgt ggc ctg aag   439
Asn Pro Glu Ser Val Phe Ala Ile Pro Asp Val Val Arg Gly Leu Lys

                40                  45                  50
ctt gcc att gag cat ttc act aag cct ggt tcg gcg atc att gtg ccg   487
Leu Ala Ile Glu His Phe Thr Lys Pro Gly Ser Ala Ile Ile Val Pro
            55                  60                  65
ttg cct gca tac cct cct ttc att gag ttg cct aag gtg act ggt cgt   535
Leu Pro Ala Tyr Pro Pro Phe Ile Glu Leu Pro Lys Val Thr Gly Arg
        70                  75                  80

cag gcg atc tac att gat gcg cat gag tac gat ttg aag gaa att gag   583
Gln Ala Ile Tyr Ile Asp Ala His Glu Tyr Asp Leu Lys Glu Ile Glu
    85                  90                  95
aag gcc ttc gct gac ggt gcg gga tca ctg ttg ttc tgc aat cca cac   631
Lys Ala Phe Ala Asp Gly Ala Gly Ser Leu Leu Phe Cys Asn Pro His
100                 105                 110                 115
aac cca ctg ggc acg gtc ttt tct gaa gag tac atc cgc gag ctc acc   679

Asn Pro Leu Gly Thr Val Phe Ser Glu Glu Tyr Ile Arg Glu Leu Thr
                120                 125                 130
gat att gcg gcg aag tac gat gcc cgc atc atc gtc gat gag atc cac   727
Asp Ile Ala Ala Lys Tyr Asp Ala Arg Ile Ile Val Asp Glu Ile His
```

```
            135                 140                 145
gcg cca ctg gtt tat gaa ggc acc cat gtg gtt gct gct ggt gtt tct   775
Ala Pro Leu Val Tyr Glu Gly Thr His Val Val Ala Ala Gly Val Ser

        150                 155                 160
gag aac gct gca aac act tgc atc acc atc acc gca act tct aag gcg   823
Glu Asn Ala Ala Asn Thr Cys Ile Thr Ile Thr Ala Thr Ser Lys Ala
    165                 170                 175
tgg aac act gct ggt ttg aag tgt gct cag atc ttc ttc agt aat gaa   871
Trp Asn Thr Ala Gly Leu Lys Cys Ala Gln Ile Phe Phe Ser Asn Glu
180                 185                 190                 195

gcc gat gtg aag gcc tgg aag aat ttg tcg gat att acc cgt gac ggt   919
Ala Asp Val Lys Ala Trp Lys Asn Leu Ser Asp Ile Thr Arg Asp Gly
                200                 205                 210
gtg tcc atc ctt gga ttg atc gct gcg gag aca gtg tac aac gag ggc   967
Val Ser Ile Leu Gly Leu Ile Ala Ala Glu Thr Val Tyr Asn Glu Gly
            215                 220                 225
gaa gaa ttc ctt gat gag tca att cag att ctc aag gac aac cgt gac   1015

Glu Glu Phe Leu Asp Glu Ser Ile Gln Ile Leu Lys Asp Asn Arg Asp
        230                 235                 240
ttt gcg gct gct gaa ctg gaa aag ctt ggc gtg aag gtc tac gca ccg   1063
Phe Ala Ala Ala Glu Leu Glu Lys Leu Gly Val Lys Val Tyr Ala Pro
    245                 250                 255
gac tcc act tat ttg atg tgg ttg gac ttc gct ggc acc aag atc gaa   1111
Asp Ser Thr Tyr Leu Met Trp Leu Asp Phe Ala Gly Thr Lys Ile Glu

260                 265                 270                 275
gag gcg cct tct aaa att ctt cgt gag gag ggt aag gtc atg ctg aat   1159
Glu Ala Pro Ser Lys Ile Leu Arg Glu Glu Gly Lys Val Met Leu Asn
                280                 285                 290
gat ggc gca gct ttt ggt ggt ttc acc acc tgc gct cgt ctt aat ttt   1207
Asp Gly Ala Ala Phe Gly Gly Phe Thr Thr Cys Ala Arg Leu Asn Phe
            295                 300                 305

gcg tgt tcc aga gag acc ctt gag gag ggg ctg cgc cgt atc gcc agc   1255
Ala Cys Ser Arg Glu Thr Leu Glu Glu Gly Leu Arg Arg Ile Ala Ser
        310                 315                 320
gtg ttg taa ataatgagta aaaagtctgt cctgattact tctttgatgc           1304
Val Leu
    325
tgttttccat gttcttcgga gctggaaacc tcatcttccc gccgatgctt ggattgtcgg 1364

caggaaccaa ctatctacca gctatcttag gatttctagc aacgagtgtt ctgctcccgg 1424
tgctggcgat tatcgcggtg gtgttgtcgg gagaaaatgt caaggacatg gcttctcgtg 1484
gcggtaagat c                                                      1495
<210> 4
<211> 325
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 4
Met Ala Asp Ala Val Glu Arg Glu Val Phe Gly Tyr Pro Pro Asp Ala
  1               5                  10                  15
Thr Gly Leu Asn Asp Ala Leu Thr Gly Phe Tyr Glu Arg Arg Tyr Gly
             20                  25                  30
```

```
Phe Gly Pro Asn Pro Glu Ser Val Phe Ala Ile Pro Asp Val Val Arg
         35                  40                  45

Gly Leu Lys Leu Ala Ile Glu His Phe Thr Lys Pro Gly Ser Ala Ile
     50                  55                  60
Ile Val Pro Leu Pro Ala Tyr Pro Pro Phe Ile Glu Leu Pro Lys Val
 65                  70                  75                  80
Thr Gly Arg Gln Ala Ile Tyr Ile Asp Ala His Glu Tyr Asp Leu Lys
                 85                  90                  95
Glu Ile Glu Lys Ala Phe Ala Asp Gly Ala Gly Ser Leu Leu Phe Cys

            100                 105                 110
Asn Pro His Asn Pro Leu Gly Thr Val Phe Ser Glu Glu Tyr Ile Arg
        115                 120                 125
Glu Leu Thr Asp Ile Ala Ala Lys Tyr Asp Ala Arg Ile Ile Val Asp
    130                 135                 140
Glu Ile His Ala Pro Leu Val Tyr Glu Gly Thr His Val Val Ala Ala
145                 150                 155                 160

Gly Val Ser Glu Asn Ala Ala Asn Thr Cys Ile Thr Ile Thr Ala Thr
                165                 170                 175
Ser Lys Ala Trp Asn Thr Ala Gly Leu Lys Cys Ala Gln Ile Phe Phe
            180                 185                 190
Ser Asn Glu Ala Asp Val Lys Ala Trp Lys Asn Leu Ser Asp Ile Thr
        195                 200                 205
Arg Asp Gly Val Ser Ile Leu Gly Leu Ile Ala Ala Glu Thr Val Tyr

    210                 215                 220
Asn Glu Gly Glu Glu Phe Leu Asp Glu Ser Ile Gln Ile Leu Lys Asp
225                 230                 235                 240
Asn Arg Asp Phe Ala Ala Ala Glu Leu Glu Lys Leu Gly Val Lys Val
                245                 250                 255
Tyr Ala Pro Asp Ser Thr Tyr Leu Met Trp Leu Asp Phe Ala Gly Thr
            260                 265                 270

Lys Ile Glu Glu Ala Pro Ser Lys Ile Leu Arg Glu Glu Gly Lys Val
        275                 280                 285
Met Leu Asn Asp Gly Ala Ala Phe Gly Gly Phe Thr Thr Cys Ala Arg
    290                 295                 300
Leu Asn Phe Ala Cys Ser Arg Glu Thr Leu Glu Glu Gly Leu Arg Arg
305                 310                 315                 320
Ile Ala Ser Val Leu

                325
<210> 5
<211> 1033
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS

<222> (101)..(1006)
<400> 5
gtgcggatcg ggtatccgcg ctacacttag aggtgttaga gatcatgagt ttccacgaac 60
tgtaacgcag gattcaccaa tcaatgaaag gtcgaccgac atg agc act gaa gac   115
                                                Met Ser Thr Glu Asp
                                                  1               5
```

```
att gtc gtc gta gca gta gat ggc tcg gac gcc tca aaa caa gct gtt   163

Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala Ser Lys Gln Ala Val
                10                  15                  20
cgg tgg gct gca aat acc gcc aac aaa cgt ggc att cca ctt cgc ttg   211
Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly Ile Pro Leu Arg Leu
            25                  30                  35
gct tcc agc tac acc atg cct cag ttc ctc tac gca gag gga atg gtt   259
Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr Ala Glu Gly Met Val

        40                  45                  50
cca cca caa gag ctt ttc gat gac ctc cag gcc gaa gcc ctg gaa aag   307
Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala Glu Ala Leu Glu Lys
    55                  60                  65
att aac gaa gcc cgt gac atc gcc cat gag gta gcg cca gaa atc aag   355
Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val Ala Pro Glu Ile Lys
70                  75                  80                  85

atc ggg cac acc atc gct gaa ggc agt ccc atc gac atg ctg ttg gaa   403
Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile Asp Met Leu Leu Glu
                90                  95                  100
atg tct ccc gat gcc aca atg atc gtc atg ggt tcc cgc gga ctc ggc   451
Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly Ser Arg Gly Leu Gly
            105                 110                 115
gga ctc tcc gga atg gtc atg ggc tcc gtc tcc ggt gca gtg gtc agc   499

Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser Gly Ala Val Val Ser
        120                 125                 130
cac gca aag tgt cca gtc gtt gtt gtc cgt gaa gac agc gca gtc aac   547
His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu Asp Ser Ala Val Asn
    135                 140                 145
gaa gac agc aag tac ggc cca gtc gtc gtc ggt gtg gat ggc tcc gaa   595
Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly Val Asp Gly Ser Glu

150                 155                 160                 165
gtc tcc caa cag gca acc gaa tac gca ttt gcg gaa gct gaa gct cgt   643
Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala Glu Ala Glu Ala Arg
                170                 175                 180
ggc gcc gaa ctc gtt gca gtt cac acc tgg atg gac atg cag gta cag   691
Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met Asp Met Gln Val Gln
            185                 190                 195

gca tca ctt gca ggt ctt gca gct gct caa cag cag tgg gat gaa gtg   739
Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Gln Trp Asp Glu Val
        200                 205                 210
gaa cgt cag caa acc gac atg ctg atc gaa cgc ctc gca cca ctg gtg   787
Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg Leu Ala Pro Leu Val
    215                 220                 225
gaa aag tac cca agt gta acc gtc aag aag atc atc acc cgt gac cgc   835

Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile Ile Thr Arg Asp Arg
230                 235                 240                 245
cca gtt cgc gca ctt gca gaa gca tct gaa aac gcg cag ctc cta gtc   883
Pro Val Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ser Glu Asn Ala Gln Leu Leu Val
                250                 255                 260
gtt ggt tcc cat ggt cgt ggc gga ttt aag ggc atg ctc ctt ggc tcc   931
```

```
Val Gly Ser His Gly Arg Gly Gly Phe Lys Gly Met Leu Leu Gly Ser

            265                 270                 275
acc tcc cgc gca ctg ctg caa tcc gca ccg tgc cca atg atg gtg gtt   979
Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys Pro Met Met Val Val
        280                 285                 290
cgc cca cct gag aag att aag aag tag tttcttttaa gtttcgatgc cccggtt 1033
Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
    295                 300

<210> 6
<211> 301
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 6
Met Ser Thr Glu Asp Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala
  1               5                  10                  15

Ser Lys Gln Ala Val Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly
             20                  25                  30
Ile Pro Leu Arg Leu Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr
         35                  40                  45
Ala Glu Gly Met Val Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala
     50                  55                  60
Glu Ala Leu Glu Lys Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val

 65                  70                  75                  80
Ala Pro Glu Ile Lys Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile
                 85                  90                  95
Asp Met Leu Leu Glu Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly
            100                 105                 110
Ser Arg Gly Leu Gly Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser
        115                 120                 125

Gly Ala Val Val Ser His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu
    130                 135                 140
Asp Ser Ala Val Asn Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly
145                 150                 155                 160
Val Asp Gly Ser Glu Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala
                165                 170                 175
Glu Ala Glu Ala Arg Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met

            180                 185                 190
Asp Met Gln Val Gln Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln
        195                 200                 205
Gln Trp Asp Glu Val Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg
    210                 215                 220
Leu Ala Pro Leu Val Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile
225                 230                 235                 240

Ile Thr Arg Asp Arg Pro Val Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ser Glu Asn
                245                 250                 255
Ala Gln Leu Leu Val Val Gly Ser His Gly Arg Gly Gly Phe Lys Gly
            260                 265                 270
Met Leu Leu Gly Ser Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys
        275                 280                 285
```

```
Pro Met Met Val Val Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys

    290                 295                 300
<210> 7
<211> 948
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(925)
<223> RXA02229
<400> 7
gctggttcaa cagagaccac cgcgtgtcct gggtcgacgc ctctggcgat cccaccgcac 60
aagccttgga gattttgggt ctacaatagc gagggtgaat ttg acc atc ccc ttt   115
                                          Leu Thr Ile Pro Phe
                                            1               5
gcc aaa ggc cac gcc acc gaa aac gac ttc atc atc ccc gat gag   163
Ala Lys Gly His Ala Thr Glu Asn Asp Phe Ile Ile Pro Asp Glu
                10                  15                  20

gat gcg cgc cta gat tta act cca gaa atg gtg gtc acg ctg tgt gac   211
Asp Ala Arg Leu Asp Leu Thr Pro Glu Met Val Val Thr Leu Cys Asp
            25                  30                  35
cgc cgc gcc ggg atc ggt gct gat ggt atc ctc cgc gtg gtt aaa gct   259
Arg Arg Ala Gly Ile Gly Ala Asp Gly Ile Leu Arg Val Val Lys Ala
        40                  45                  50
gca gac gta gaa ggc tcc acg gtc gac cca tcg ctg tgg ttc atg gat   307
Ala Asp Val Glu Gly Ser Thr Val Asp Pro Ser Leu Trp Phe Met Asp

    55                  60                  65
tac cgc aac gcc gat gga tct ttg gct gaa atg tgc ggc aat ggt gtg   355
Tyr Arg Asn Ala Asp Gly Ser Leu Ala Glu Met Cys Gly Asn Gly Val
70                  75                  80                  85
cgc ctg ttc gcg cac tgg ctg tac tcc cgc ggt ctt gtt gat aat acg   403
Arg Leu Phe Ala His Trp Leu Tyr Ser Arg Gly Leu Val Asp Asn Thr
                90                  95                  100
agc ttt gat atc ggt acc cgc gcc ggt gtc cgc cac gtt gat att ttg   451

Ser Phe Asp Ile Gly Thr Arg Ala Gly Val Arg His Val Asp Ile Leu
            105                 110                 115
cag gca gat caa cat tct gcg cag gtc cgc gtt gat atg ggc atc cct   499
Gln Ala Asp Gln His Ser Ala Gln Val Arg Val Asp Met Gly Ile Pro
        120                 125                 130
gac gtc acg gga tta tcc acc tgc gac atc aac ggc caa gta ttc gct   547
Asp Val Thr Gly Leu Ser Thr Cys Asp Ile Asn Gly Gln Val Phe Ala
    135                 140                 145

ggc ctt ggc gtt gat atg ggt aac cca cac cta gcg tgc gtt gtg ccg   595
Gly Leu Gly Val Asp Met Gly Asn Pro His Leu Ala Cys Val Val Pro
150                 155                 160                 165
ggc tta agt gcg tcg gct ctt gcc gat atg gaa ctg cgc gca cct acg   643
Gly Leu Ser Ala Ser Ala Leu Ala Asp Met Glu Leu Arg Ala Pro Thr
                170                 175                 180
ttt gat cag gaa ttc ttc ccc cac ggt gtg aac gta gaa atc gtc aca   691
Phe Asp Gln Glu Phe Phe Pro His Gly Val Asn Val Glu Ile Val Thr
```

```
            185                 190                 195
gaa tta gaa gat gac gca gta tcg atg cgc gtg tgg gaa cgc gga gtg   739
Glu Leu Glu Asp Asp Ala Val Ser Met Arg Val Trp Glu Arg Gly Val
        200                 205                 210
ggc gaa acc cgc tcc tgt ggc acg gga acc gtt gct gca gcg tgt gct   787
Gly Glu Thr Arg Ser Cys Gly Thr Gly Thr Val Ala Ala Ala Cys Ala
    215                 220                 225
gct tta gct gat gct gga ttg gga gaa ggc aca gct aaa gtg tgc gtt   835

Ala Leu Ala Asp Ala Gly Leu Gly Glu Gly Thr Ala Lys Val Cys Val
230                 235                 240                 245
cca cgt ggg gaa gta gaa gtc cag atc ttt gac gac ggc tcc aca ctc   883
Pro Arg Gly Glu Val Glu Val Gln Ile Phe Asp Asp Gly Ser Thr Leu
                250                 255                 260
acc ggc cca agc gcc atc atc gca ctc ggt gag gtg cag atc           925
Thr Gly Pro Ser Ala Ile Ile Ala Leu Gly Glu Val Gln Ile
            265                 270                 275

taagattcgc gattgtagtt cgg                                        948
<210> 8
<211> 275
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 8
Leu Thr Ile Pro Phe Ala Lys Gly His Ala Thr Glu Asn Asp Phe Ile
  1               5                  10                  15
Ile Ile Pro Asp Glu Asp Ala Arg Leu Asp Leu Thr Pro Glu Met Val
             20                  25                  30
Val Thr Leu Cys Asp Arg Arg Ala Gly Ile Gly Ala Asp Gly Ile Leu
         35                  40                  45

Arg Val Val Lys Ala Ala Asp Val Glu Gly Ser Thr Val Asp Pro Ser
     50                  55                  60
Leu Trp Phe Met Asp Tyr Arg Asn Ala Asp Gly Ser Leu Ala Glu Met
 65                  70                  75                  80
Cys Gly Asn Gly Val Arg Leu Phe Ala His Trp Leu Tyr Ser Arg Gly
                 85                  90                  95
Leu Val Asp Asn Thr Ser Phe Asp Ile Gly Thr Arg Ala Gly Val Arg
            100                 105                 110

His Val Asp Ile Leu Gln Ala Asp Gln His Ser Ala Gln Val Arg Val
        115                 120                 125
Asp Met Gly Ile Pro Asp Val Thr Gly Leu Ser Thr Cys Asp Ile Asn
    130                 135                 140
Gly Gln Val Phe Ala Gly Leu Gly Val Asp Met Gly Asn Pro His Leu
145                 150                 155                 160
Ala Cys Val Val Pro Gly Leu Ser Ala Ser Ala Leu Ala Asp Met Glu
                165                 170                 175

Leu Arg Ala Pro Thr Phe Asp Gln Glu Phe Phe Pro His Gly Val Asn
            180                 185                 190
Val Glu Ile Val Thr Glu Leu Glu Asp Asp Ala Val Ser Met Arg Val
        195                 200                 205
Trp Glu Arg Gly Val Gly Glu Thr Arg Ser Cys Gly Thr Gly Thr Val
    210                 215                 220
Ala Ala Ala Cys Ala Ala Leu Ala Asp Ala Gly Leu Gly Glu Gly Thr
```

```
225                 230                 235                 240

Ala Lys Val Cys Val Pro Arg Gly Glu Val Glu Val Gln Ile Phe Asp
                245                 250                 255
Asp Gly Ser Thr Leu Thr Gly Pro Ser Ala Ile Ile Ala Leu Gly Glu
            260                 265                 270
Val Gln Ile
        275
<210> 9
<211> 1491
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1468)
<223> RXS02970
<400> 9
aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60
ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt   115
                                          Leu Ala Leu Lys Gly
                                            1               5
tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca   163
Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala
                10                  15                  20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc   211
Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe
            25                  30                  35
cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct   259
His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala
        40                  45                  50
gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac   307
Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

    55                  60                  65
atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga   355
Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg
70                  75                  80                  85
tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac   403
Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn
                90                  95                  100
ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg   451

Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val
            105                 110                 115
tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc   499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly
        120                 125                 130
gcc gac gcc atc gag cac tcc atc cgc atg gct cgc ctg cac acc gga   547
Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala Arg Leu His Thr Gly
    135                 140                 145

cgc aac aaa att ctg tcc gca tac cgc agc tac cac ggc gca acc gga   595
Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr His Gly Ala Thr Gly
150                 155                 160                 165
tcc gcg atg atg ctc acc ggc gaa cac cgc cgc ctg ggc aac ccc acc   643
```

```
Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg Leu Gly Asn Pro Thr
                170                 175                 180
acc gac cca gat atc tac cac ttc tgg gca cca ttc ctg cac cac tcc   691
Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro Phe Leu His His Ser

            185                 190                 195
tca ttc ttt gcc acc acc caa gaa gaa gaa tgc gaa cgc gca ctc aag   739
Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys Glu Arg Ala Leu Lys
        200                 205                 210
cac ttg gaa gat gtc atc gcg ttt gaa ggt gct ggc atg atc gca gcg   787
His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala Gly Met Ile Ala Ala
    215                 220                 225
atc gtc ctg gag cca gtg gtg gga tca tca gga atc atc ctg cca cca   835

Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly Ile Ile Leu Pro Pro
230                 235                 240                 245
gca ggt tac tta aat ggc gtg cgc gaa ctt tgc aac aag cac ggc atc   883
Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys Asn Lys His Gly Ile
                250                 255                 260
ctc ttc atc gcc gac gaa gtc atg gtc gga ttc gga cgc acc gga aaa   931
Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe Gly Arg Thr Gly Lys
            265                 270                 275

ctg ttt gct tac gag cat gct ggc gac gat ttc cag cca gac atg atc   979
Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe Gln Pro Asp Met Ile
        280                 285                 290
acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc   1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile
    295                 300                 305
gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc   1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser

310                 315                 320                 325
ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag   1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys
                330                 335                 340
gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct   1171
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala
            345                 350                 355
cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa   1219

Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu
        360                 365                 370
gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca   1267
Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala
    375                 380                 385
gtg gag ttc aat gca gac gcc act gcc atg gct gcc ggt gct gca gaa   1315
Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala Ala Gly Ala Ala Glu
390                 395                 400                 405

ttc aag gaa cgc ggc gtg tgg ccg atg atc tcc ggc aac cga ttc cac   1363
Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser Gly Asn Arg Phe His
                410                 415                 420
atc gcg ccg ccg ctg acc acc act gat gac gaa ttg gta gca ctg ctg   1411
Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu Leu Val Ala Leu Leu
            425                 430                 435
gac gcg gtg gaa gct gca gcc caa gct gtc gag ctg acc ttc gct ggg   1459
```

```
Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu Leu Thr Phe Ala Gly

        440                 445                 450
gcg ttg ttc taagttttct agataacaag gcc                              1491
Ala Leu Phe
    455
<210> 10
<211> 456
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 10
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
  1               5                  10                  15
Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
             20                  25                  30

Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
         35                  40                  45
Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
     50                  55                  60
Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
 65                  70                  75                  80
His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
                 85                  90                  95

Leu Thr Asn Ile Asn Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val
            100                 105                 110
Ala Ala Lys Ile Val Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe
        115                 120                 125
Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
    130                 135                 140
Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145                 150                 155                 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
                165                 170                 175
Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
            180                 185                 190
Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
        195                 200                 205
Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
    210                 215                 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly
225                 230                 235                 240
Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
                245                 250                 255
Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
            260                 265                 270
Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
        275                 280                 285

Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
    290                 295                 300
Pro Leu Gly Gly Ile Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly
305                 310                 315                 320
Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
```

```
                325                 330                 335
Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
            340                 345                 350

Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
        355                 360                 365
Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
    370                 375                 380
Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
385                 390                 395                 400
Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser
                405                 410                 415

Gly Asn Arg Phe His Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu
            420                 425                 430
Leu Val Ala Leu Leu Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu
        435                 440                 445
Leu Thr Phe Ala Gly Ala Leu Phe
    450                 455
<210> 11
<211> 1330
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1330)
<223> FRXA01009
<400> 11
aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60
ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt   115
                                               Leu Ala Leu Lys Gly
                                                 1               5
tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca   163
Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala
                10                  15                  20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc   211
Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe
            25                  30                  35
cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct   259
His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala
        40                  45                  50
gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac   307
Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

    55                  60                  65
atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga   355
Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg
 70                  75                  80                  85
tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac   403
Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn
                90                  95                  100
ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg   451

Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val
            105                 110                 115
```

```
tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc   499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly
        120                 125                 130
gcc gac gcc atc gag cac tcc atc cgc atg gct cgc ctg cac acc gga   547
Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala Arg Leu His Thr Gly
    135                 140                 145

cgc aac aaa att ctg tcc gca tac cgc agc tac cac ggc gca acc gga   595
Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr His Gly Ala Thr Gly
150                 155                 160                 165
tcc gcg atg atg ctc acc ggc gaa cac cgc cgc ctg ggc aac ccc acc   643
Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg Leu Gly Asn Pro Thr
                170                 175                 180
acc gac cca gat atc tac cac ttc tgg gca cca ttc ctg cac cac tcc   691
Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro Phe Leu His His Ser

            185                 190                 195
tca ttc ttt gcc acc acc caa gaa gaa gaa tgc gaa cgc gca ctc aag   739
Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys Glu Arg Ala Leu Lys
        200                 205                 210
cac ttg gaa gat gtc atc gcg ttt gaa ggt gct ggc atg atc gca gcg   787
His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala Gly Met Ile Ala Ala
    215                 220                 225
atc gtc ctg gag cca gtg gtg gga tca tca gga atc atc ctg cca cca   835

Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly Ile Ile Leu Pro Pro
230                 235                 240                 245
gca ggt tac tta aat ggc gtg cgc gaa ctt tgc aac aag cac ggc atc   883
Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys Asn Lys His Gly Ile
                250                 255                 260
ctc ttc atc gcc gac gaa gtc atg gtc gga ttc gga cgc acc gga aaa   931
Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe Gly Arg Thr Gly Lys
            265                 270                 275

ctg ttt gct tac gag cat gct ggc gac gat ttc cag cca gac atg atc   979
Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe Gln Pro Asp Met Ile
        280                 285                 290
acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc   1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile
    295                 300                 305
gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc   1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser

310                 315                 320                 325
ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag   1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys
                330                 335                 340
gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct   1171
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala
            345                 350                 355
cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa   1219

Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu
        360                 365                 370
gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca   1267
Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala
    375                 380                 385
```

```
gtg gag ttc aat gca gac gcc act gcc atg gct gcc ggt gct gca gaa   1315
Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala Ala Gly Ala Ala Glu
390                 395                 400                 405

ttc aag gaa cgc ggc                                           1330
Phe Lys Glu Arg Gly
                410
```

<210> 12
<211> 410
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 12

```
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
  1               5                  10                  15
Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
             20                  25                  30
Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro

         35                  40                  45
Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
     50                  55                  60
Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
 65                  70                  75                  80
His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
                 85                  90                  95
Leu Thr Asn Ile Asn Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val

            100                 105                 110
Ala Ala Lys Ile Val Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe
        115                 120                 125
Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
    130                 135                 140
Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145                 150                 155                 160
His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg

                165                 170                 175
Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
            180                 185                 190
Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
        195                 200                 205
Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
    210                 215                 220
Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly

225                 230                 235                 240
Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
                245                 250                 255
Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
            260                 265                 270
Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
        275                 280                 285
Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala

    290                 295                 300
Pro Leu Gly Gly Ile Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly
305                 310                 315                 320
```

```
Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
                325                 330                 335
Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
            340                 345                 350
Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu

        355                 360                 365
Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
    370                 375                 380
Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
385                 390                 395                 400
Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly
                405                 410
<210> 13
<211> 792
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(769)
<223> RXC02390
<400> 13
gctggtggtg ctgacccata cgctggaact ccaactgctg ttgataccgc caagatgttt 60
ggccgcgagg atctcgtagc tcgcttcgag tcataggccg gtg gag tgg acc gct   115
                                            Val Glu Trp Thr Ala
                                              1               5
ttt ggc acc ctg att ctg ctc aat ttg gtg ggc agt tta tcc ccg ggg   163
Phe Gly Thr Leu Ile Leu Leu Asn Leu Val Gly Ser Leu Ser Pro Gly
                10                  15                  20

cct gat acc ttt ttc ctc ctc cgc tta gcc acc cgc tcc aga gcg cac   211
Pro Asp Thr Phe Phe Leu Leu Arg Leu Ala Thr Arg Ser Arg Ala His
            25                  30                  35
gcg atc gct ggc gtc gcc ggc atc gtc acc gga ctc acg gtg tgg gtg   259
Ala Ile Ala Gly Val Ala Gly Ile Val Thr Gly Leu Thr Val Trp Val
        40                  45                  50
acg ctg acg gtc gtg gga gca gcg gcg ctg ctc acc act tat ccg tcg   307
Thr Leu Thr Val Val Gly Ala Ala Ala Leu Leu Thr Thr Tyr Pro Ser

    55                  60                  65
att ctc gga atc atc cag ctc gtc ggc ggc acg tac cta agc ttc att   355
Ile Leu Gly Ile Ile Gln Leu Val Gly Gly Thr Tyr Leu Ser Phe Ile
 70                  75                  80                  85
ggg tac aag ttg ctg cgc tcg gcg tcg aga gag ctt atc gac gcc cgc   403
Gly Tyr Lys Leu Leu Arg Ser Ala Ser Arg Glu Leu Ile Asp Ala Arg
                90                  95                  100
cag ttc cgt ttc aac gcc gat gcc cga cct atc ccg gat gcg gta gaa   451

Gln Phe Arg Phe Asn Ala Asp Ala Arg Pro Ile Pro Asp Ala Val Glu
            105                 110                 115
gca ctg gga acc cgc act cag gta tat cga caa ggt ttg gcc acc aac   499
Ala Leu Gly Thr Arg Thr Gln Val Tyr Arg Gln Gly Leu Ala Thr Asn
        120                 125                 130
ctg tca aac cct aaa gtt gtc atg tac ttc gcg gca att ctg gct ccg   547
Leu Ser Asn Pro Lys Val Val Met Tyr Phe Ala Ala Ile Leu Ala Pro
```

```
    135                 140                 145

ttg atg cca gcg cac cca tca ccg gtg ctg gcg ttc tct atc atc gtg   595
Leu Met Pro Ala His Pro Ser Pro Val Leu Ala Phe Ser Ile Ile Val
150                 155                 160                 165
gcg att tta gtg cag acc ttt gtt acc ttc tct gct gtg tgc ctc att   643
Ala Ile Leu Val Gln Thr Phe Val Thr Phe Ser Ala Val Cys Leu Ile
                170                 175                 180
gtc tct acg gag cgt gtg cgc aaa gca atg ctg cgt gca ggt ccc tgg   691
Val Ser Thr Glu Arg Val Arg Lys Ala Met Leu Arg Ala Gly Pro Trp

            185                 190                 195
ttt gac ctg ctt gct ggc gtt gtc ttc ctc gtt gtg ggt gtg act ctg   739
Phe Asp Leu Leu Ala Gly Val Val Phe Leu Val Val Gly Val Thr Leu
        200                 205                 210
ctg tat gaa ggc ctg acc ggt tta ctc ggg taaaggcata aaaaatggct     789
Leu Tyr Glu Gly Leu Thr Gly Leu Leu Gly
    215                 220
tcc                                                               792
<210> 14
<
211> 223
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 14
Val Glu Trp Thr Ala Phe Gly Thr Leu Ile Leu Leu Asn Leu Val Gly
  1               5                  10                  15
Ser Leu Ser Pro Gly Pro Asp Thr Phe Phe Leu Leu Arg Leu Ala Thr
             20                  25                  30
Arg Ser Arg Ala His Ala Ile Ala Gly Val Ala Gly Ile Val Thr Gly
         35                  40                  45
Leu Thr Val Trp Val Thr Leu Thr Val Val Gly Ala Ala Ala Leu Leu

     50                  55                  60
Thr Thr Tyr Pro Ser Ile Leu Gly Ile Ile Gln Leu Val Gly Gly Thr
 65                  70                  75                  80
Tyr Leu Ser Phe Ile Gly Tyr Lys Leu Leu Arg Ser Ala Ser Arg Glu
                 85                  90                  95
Leu Ile Asp Ala Arg Gln Phe Arg Phe Asn Ala Asp Ala Arg Pro Ile
            100                 105                 110
Pro Asp Ala Val Glu Ala Leu Gly Thr Arg Thr Gln Val Tyr Arg Gln

        115                 120                 125
Gly Leu Ala Thr Asn Leu Ser Asn Pro Lys Val Val Met Tyr Phe Ala
    130                 135                 140
Ala Ile Leu Ala Pro Leu Met Pro Ala His Pro Ser Pro Val Leu Ala
145                 150                 155                 160
Phe Ser Ile Ile Val Ala Ile Leu Val Gln Thr Phe Val Thr Phe Ser
                165                 170                 175
Ala Val Cys Leu Ile Val Ser Thr Glu Arg Val Arg Lys Ala Met Leu

            180                 185                 190
Arg Ala Gly Pro Trp Phe Asp Leu Leu Ala Gly Val Val Phe Leu Val
        195                 200                 205
Val Gly Val Thr Leu Leu Tyr Glu Gly Leu Thr Gly Leu Leu Gly
    210                 215                 220
<210> 15
```

<211> 897
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(874)
<223> RXC01796
<400> 15

```
atgtaactcg atcaggtgga aatgcccgca aaagtggcgg cggtggccga gggatggccg 60
ttggtgcggc atcggtggcc tgctactagt cgggctcttc ttg ctc ctt ggc ggt   115
                                          Leu Leu Leu Gly Gly
                                            1               5
aac cct gcc gag atc gac cag gtt tta ggt ggc gat caa acc cag atc   163
Asn Pro Ala Glu Ile Asp Gln Val Leu Gly Gly Asp Gln Thr Gln Ile
                10                  15                  20

gag tct gga gag tcc acc gga gcc ggc gac ttt gat cac tgc caa acc   211
Glu Ser Gly Glu Ser Thr Gly Ala Gly Asp Phe Asp His Cys Gln Thr
            25                  30                  35
ggc gca gat gcc aac gcc agt gat gat tgt cgc ctt tac tac acc tca   259
Gly Ala Asp Ala Asn Ala Ser Asp Asp Cys Arg Leu Tyr Tyr Thr Ser
        40                  45                  50
ttc tcc gtc aat gaa atg tgg cag act ttg ctt cca gct cag gct ggt   307
Phe Ser Val Asn Glu Met Trp Gln Thr Leu Leu Pro Ala Gln Ala Gly

    55                  60                  65
atc gaa tac acc gag ccg aca ttg act ctt ttc aaa aac tcc acc caa   355
Ile Glu Tyr Thr Glu Pro Thr Leu Thr Leu Phe Lys Asn Ser Thr Gln
70                  75                  80                  85
acc ggc tgc ggt ttc gct tct gcg tcc act ggg ccg ttt tac tgt ccg   403
Thr Gly Cys Gly Phe Ala Ser Ala Ser Thr Gly Pro Phe Tyr Cys Pro
                90                  95                  100
tca gac caa gat gct tat ttt gac ttg act ttc ttc gat cag atg cgt   451

Ser Asp Gln Asp Ala Tyr Phe Asp Leu Thr Phe Phe Asp Gln Met Arg
            105                 110                 115
cag ttc ggt gca gaa aac gcc ccg ctt gcc cag atg tac atc gtg gcg   499
Gln Phe Gly Ala Glu Asn Ala Pro Leu Ala Gln Met Tyr Ile Val Ala
        120                 125                 130
cac gag tac ggc cac cac gtc caa aac ctc gag ggc aca ctc gga ctg   547
His Glu Tyr Gly His His Val Gln Asn Leu Glu Gly Thr Leu Gly Leu
    135                 140                 145

tcc aat tac aac gat ccg ggc gct gat tcc aac gcc gtc aag atc gag   595
Ser Asn Tyr Asn Asp Pro Gly Ala Asp Ser Asn Ala Val Lys Ile Glu
150                 155                 160                 165
ttg cag gcc gat tgc tac gca ggc att tgg gct aat cac tcc agc gaa   643
Leu Gln Ala Asp Cys Tyr Ala Gly Ile Trp Ala Asn His Ser Ser Glu
                170                 175                 180
ggc ccg gat ccg cta ctc caa ccc atc acc gaa tct gag cta gat tcc   691
Gly Pro Asp Pro Leu Leu Gln Pro Ile Thr Glu Ser Glu Leu Asp Ser

            185                 190                 195
gct ctc ctt gct gca agc gcc gtg ggc gac gac aat atc cag caa cga   739
Ala Leu Leu Ala Ala Ser Ala Val Gly Asp Asp Asn Ile Gln Gln Arg
        200                 205                 210
```

```
tcc ggt ggc gat gtc aat cct gaa agc tgg act cac ggc tca tcg cag   787
Ser Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Ser Trp Thr His Gly Ser Ser Gln
    215                 220                 225
cag cgc aaa gac gcg ttc ctc gcc ggc tac aac acc ggc cag atg agc   835

Gln Arg Lys Asp Ala Phe Leu Ala Gly Tyr Asn Thr Gly Gln Met Ser
230                 235                 240                 245
gcc tgc gac ttc ctc ggc cgg ggc gtc tac aac gac gct taaagcattg    884
Ala Cys Asp Phe Leu Gly Arg Gly Val Tyr Asn Asp Ala
                250                 255
cttttcgacg tct                                                   897
<210> 16
<211> 258
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 16
Leu Leu Leu Gly Gly Asn Pro Ala Glu Ile Asp Gln Val Leu Gly Gly

  1               5                  10                  15
Asp Gln Thr Gln Ile Glu Ser Gly Glu Ser Thr Gly Ala Gly Asp Phe
            20                  25                  30
Asp His Cys Gln Thr Gly Ala Asp Ala Asn Ala Ser Asp Asp Cys Arg
         35                  40                  45
Leu Tyr Tyr Thr Ser Phe Ser Val Asn Glu Met Trp Gln Thr Leu Leu
     50                  55                  60
Pro Ala Gln Ala Gly Ile Glu Tyr Thr Glu Pro Thr Leu Thr Leu Phe

 65                  70                  75                  80
Lys Asn Ser Thr Gln Thr Gly Cys Gly Phe Ala Ser Ala Ser Thr Gly
                85                  90                  95
Pro Phe Tyr Cys Pro Ser Asp Gln Asp Ala Tyr Phe Asp Leu Thr Phe
            100                 105                 110
Phe Asp Gln Met Arg Gln Phe Gly Ala Glu Asn Ala Pro Leu Ala Gln
        115                 120                 125
Met Tyr Ile Val Ala His Glu Tyr Gly His His Val Gln Asn Leu Glu

    130                 135                 140
Gly Thr Leu Gly Leu Ser Asn Tyr Asn Asp Pro Gly Ala Asp Ser Asn
145                 150                 155                 160
Ala Val Lys Ile Glu Leu Gln Ala Asp Cys Tyr Ala Gly Ile Trp Ala
                165                 170                 175
Asn His Ser Ser Glu Gly Pro Asp Pro Leu Leu Gln Pro Ile Thr Glu
            180                 185                 190
Ser Glu Leu Asp Ser Ala Leu Leu Ala Ala Ser Ala Val Gly Asp Asp

        195                 200                 205
Asn Ile Gln Gln Arg Ser Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Ser Trp Thr
    210                 215                 220
His Gly Ser Ser Gln Gln Arg Lys Asp Ala Phe Leu Ala Gly Tyr Asn
225                 230                 235                 240
Thr Gly Gln Met Ser Ala Cys Asp Phe Leu Gly Arg Gly Val Tyr Asn
                245                 250                 255
Asp Ala
<210> 17
<211> 771
<212> DNA
<213
```

> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
<222> (101)..(748)
<223> RXC01207
<400> 17

```
cttcatgatc tcaccggcag agcgcgtttt gttacagcgc gtaaactgtg actttgaaaa 60
atttttgaac aatccgtaca ccaacttcag gagaaaaaca gtg agc aga atc tat   115
                                          Val Ser Arg Ile Tyr
                                            1               5
gac tgt gcc gac caa gac tcc cgt gca gca ggc cta aag gcg gct gtc   163
Asp Cys Ala Asp Gln Asp Ser Arg Ala Ala Gly Leu Lys Ala Ala Val
                10                  15                  20

gat gca gtc aaa gcc ggt cag ctc gtt gtc ctt ccc acg gat acc ctt   211
Asp Ala Val Lys Ala Gly Gln Leu Val Val Leu Pro Thr Asp Thr Leu
            25                  30                  35
tat gga ctc ggc tgc gac gct ttc aac aac gag gca gta gcc aac ctt   259
Tyr Gly Leu Gly Cys Asp Ala Phe Asn Asn Glu Ala Val Ala Asn Leu
        40                  45                  50
ctg gcc acc aaa cac cgt ggc ccc gat atg ccc gtt cca gtg ctc gtc   307
Leu Ala Thr Lys His Arg Gly Pro Asp Met Pro Val Pro Val Leu Val

    55                  60                  65
ggc agc tgg gac acc att caa gga ctt gtg cac tcc tat tct gcg cag   355
Gly Ser Trp Asp Thr Ile Gln Gly Leu Val His Ser Tyr Ser Ala Gln
 70                  75                  80                  85
gca aaa gcg ctt gtg gag gcg ttc tgg cct ggt gga ctg tcc atc atc   403
Ala Lys Ala Leu Val Glu Ala Phe Trp Pro Gly Gly Leu Ser Ile Ile
                90                  95                  100
gtt ccg cag gca cca agc ctt ccg tgg aac ctt ggc gat acc cgt ggc   451

Val Pro Gln Ala Pro Ser Leu Pro Trp Asn Leu Gly Asp Thr Arg Gly
            105                 110                 115
acc gta atg ctg cgc atg cca ctg cac cca gtt gcc att gaa ttg ctg   499
Thr Val Met Leu Arg Met Pro Leu His Pro Val Ala Ile Glu Leu Leu
        120                 125                 130
cgc caa acc gga cca atg gct gtc tcc tcc gcc aac atc tcc gga cat   547
Arg Gln Thr Gly Pro Met Ala Val Ser Ser Ala Asn Ile Ser Gly His
    135                 140                 145

act cct cca acc acc gtg ctg gag gct cgt cag cag ctc aac caa aat   595
Thr Pro Pro Thr Thr Val Leu Glu Ala Arg Gln Gln Leu Asn Gln Asn
150                 155                 160                 165
gtc gct gtc tac ctc gat ggt ggc gaa tgc gcg ctg gcc acc cct tca   643
Val Ala Val Tyr Leu Asp Gly Gly Glu Cys Ala Leu Ala Thr Pro Ser
                170                 175                 180
acc atc gtg gat att tca ggc ccc gca cca aag att ttg cgt gag ggt   691
Thr Ile Val Asp Ile Ser Gly Pro Ala Pro Lys Ile Leu Arg Glu Gly

            185                 190                 195
gcc atc agc gca gaa cgc gtt ggc gaa gta ctt gga gtg tcg gca gaa   739
Ala Ile Ser Ala Glu Arg Val Gly Glu Val Leu Gly Val Ser Ala Glu
        200                 205                 210
agc ctg cgc taaatgggag tcggtttcgc ggg                            771
Ser Leu Arg
```

215
<210> 18
<211> 216
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 18
Val Ser Arg Ile Tyr Asp Cys Ala Asp Gln Asp Ser Arg Ala Ala Gly

1 5 10 15
Leu Lys Ala Ala Val Asp Ala Val Lys Ala Gly Gln Leu Val Val Leu
20 25 30
Pro Thr Asp Thr Leu Tyr Gly Leu Gly Cys Asp Ala Phe Asn Asn Glu
35 40 45
Ala Val Ala Asn Leu Leu Ala Thr Lys His Arg Gly Pro Asp Met Pro
50 55 60
Val Pro Val Leu Val Gly Ser Trp Asp Thr Ile Gln Gly Leu Val His

65 70 75 80
Ser Tyr Ser Ala Gln Ala Lys Ala Leu Val Glu Ala Phe Trp Pro Gly
85 90 95
Gly Leu Ser Ile Ile Val Pro Gln Ala Pro Ser Leu Pro Trp Asn Leu
100 105 110
Gly Asp Thr Arg Gly Thr Val Met Leu Arg Met Pro Leu His Pro Val
115 120 125
Ala Ile Glu Leu Leu Arg Gln Thr Gly Pro Met Ala Val Ser Ser Ala

130 135 140
Asn Ile Ser Gly His Thr Pro Pro Thr Thr Val Leu Glu Ala Arg Gln
145 150 155 160
Gln Leu Asn Gln Asn Val Ala Val Tyr Leu Asp Gly Gly Glu Cys Ala
165 170 175
Leu Ala Thr Pro Ser Thr Ile Val Asp Ile Ser Gly Pro Ala Pro Lys
180 185 190
Ile Leu Arg Glu Gly Ala Ile Ser Ala Glu Arg Val Gly Glu Val Leu

195 200 205
Gly Val Ser Ala Glu Ser Leu Arg
210 215
<210> 19
<211> 1026
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1003)
<223> RXC00657
<400> 19
gtgcggatcg ggtatccgcg ctacacttag aggtgttaga gatcatgagt ttccacgaac 60
tgtaacgcag gattcaccaa tcaatgaaag gtcgaccgac atg agc act gaa gac 115
Met Ser Thr Glu Asp
1 5
att gtc gtc gta gca gta gat ggc tcg gac gcc tca aaa caa gct gtt 163
Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala Ser Lys Gln Ala Val
10 15 20

cgg tgg gct gca aat acc gcc aac aaa cgt ggc att cca ctt cgc ttg 211

```
Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly Ile Pro Leu Arg Leu
            25                  30                  35
gct tcc agc tac acc atg cct cag ttc ctc tac gca gag gga atg gtt   259
Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr Ala Glu Gly Met Val
        40                  45                  50
cca cca caa gag ctt ttc gat gac ctc cag gcc gaa gcc ctg gaa aag   307
Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala Glu Ala Leu Glu Lys

    55                  60                  65
att aac gaa gcc cgt gac atc gcc cat gag gta gcg cca gaa atc aag   355
Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val Ala Pro Glu Ile Lys
70                  75                  80                  85
atc ggg cac acc atc gct gaa ggc agt ccc atc gac atg ctg ttg gaa   403
Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile Asp Met Leu Leu Glu
                90                  95                  100
atg tct ccc gat gcc aca atg atc gtc atg ggt tcc cgc gga ctc ggc   451

Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly Ser Arg Gly Leu Gly
            105                 110                 115
gga ctc tcc gga atg gtc atg ggc tcc gtc tcc ggt gca gtg gtc agc   499
Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser Gly Ala Val Val Ser
        120                 125                 130
cac gca aag tgt cca gtc gtt gtt gtc cgt gaa gac agc gca gtc aac   547
His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu Asp Ser Ala Val Asn
    135                 140                 145

gaa gac agc aag tac ggc cca gtc gtc gtc ggt gtg gat ggc tcc gaa   595
Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly Val Asp Gly Ser Glu
150                 155                 160                 165
gtc tcc caa cag gca acc gaa tac gca ttt gcg gaa gct gaa gct cgt   643
Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala Glu Ala Glu Ala Arg
                170                 175                 180
ggc gcc gaa ctc gtt gca gtt cac acc tgg atg gac atg cag gta cag   691
Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met Asp Met Gln Val Gln

            185                 190                 195
gca tca ctt gca ggt ctt gca gct gct caa cag cag tgg gat gaa gtg   739
Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Gln Trp Asp Glu Val
        200                 205                 210
gaa cgt cag caa acc gac atg ctg atc gaa cgc ctc gca cca ctg gtg   787
Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg Leu Ala Pro Leu Val
    215                 220                 225
gaa aag tac cca agt gta acc gtc aag aag atc atc acc cgt gac cgc   835

Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile Ile Thr Arg Asp Arg
230                 235                 240                 245
cca gtt cgc gca ctt gca gaa gca tct gaa aac gcg cag ctc cta gtc   883
Pro Val Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ser Glu Asn Ala Gln Leu Leu Val
                250                 255                 260
gtt ggt tcc cat ggt cgt ggc gga ttt aag ggc atg ctc ctt ggc tcc   931
Val Gly Ser His Gly Arg Gly Gly Phe Lys Gly Met Leu Leu Gly Ser
            265                 270                 275

acc tcc cgc gca ctg ctg caa tcc gca ccg tgc cca atg atg gtg gtt   979
Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys Pro Met Met Val Val
        280                 285                 290
cgc cca cct gag aag att aag aag tagtttcttt taagtttcga tgc        1026
```

Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
295 300

<210> 20
<211> 301
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 20

Met Ser Thr Glu Asp Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala
1 5 10 15

Ser Lys Gln Ala Val Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly
20 25 30
Ile Pro Leu Arg Leu Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr
35 40 45
Ala Glu Gly Met Val Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala
50 55 60
Glu Ala Leu Glu Lys Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val
65 70 75 80

Ala Pro Glu Ile Lys Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile
85 90 95
Asp Met Leu Leu Glu Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly
100 105 110
Ser Arg Gly Leu Gly Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser
115 120 125
Gly Ala Val Val Ser His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu
130 135 140

Asp Ser Ala Val Asn Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly
145 150 155 160
Val Asp Gly Ser Glu Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala
165 170 175
Glu Ala Glu Ala Arg Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met
180 185 190
Asp Met Gln Val Gln Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln
195 200 205

Gln Trp Asp Glu Val Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg
210 215 220
Leu Ala Pro Leu Val Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile
225 230 235 240
Ile Thr Arg Asp Arg Pro Val Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ser Glu Asn
245 250 255
Ala Gln Leu Leu Val Val Gly Ser His Gly Arg Gly Gly Phe Lys Gly
260 265 270

Met Leu Leu Gly Ser Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys
275 280 285
Pro Met Met Val Val Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
290 295 300

<210> 21
<211> 1059
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1036)
<223> RXC00552
<400> 21
ccgccaacaa ggcagcaaag ctcgatccaa ttgacgcctt gcgttatgag taaaagcctc 60
gtttttaagg tagccacaca tcgcactaga ctgaagaact gtg gct acc tca aaa 115
Val Ala Thr Ser Lys
1 5
att ctt ctt tat tac gca ttc acc ccg ctc tct gac cct aaa gcg gtt 163
Ile Leu Leu Tyr Tyr Ala Phe Thr Pro Leu Ser Asp Pro Lys Ala Val
10 15 20

cag ctg tgg cag cgt gag ctc tgc gag tca ctg aat ctt cgt ggc cgc 211
Gln Leu Trp Gln Arg Glu Leu Cys Glu Ser Leu Asn Leu Arg Gly Arg
25 30 35
atc ctg atc tcc act cac ggc atc aat gga acc gtg ggc gga gat att 259
Ile Leu Ile Ser Thr His Gly Ile Asn Gly Thr Val Gly Gly Asp Ile
40 45 50
gat gat tgc aag gcg tac att aaa aag acc cgc gag tac cca ggt ttc 307
Asp Asp Cys Lys Ala Tyr Ile Lys Lys Thr Arg Glu Tyr Pro Gly Phe

55 60 65
aac cgc atg cag ttt aag tgg tcc gag ggt ggc gct gag gat ttc cca 355
Asn Arg Met Gln Phe Lys Trp Ser Glu Gly Gly Ala Glu Asp Phe Pro
70 75 80 85
aag ctc agt gtc aaa gtc cgc gat gag atc gtt gcc ttc ggc gct cca 403
Lys Leu Ser Val Lys Val Arg Asp Glu Ile Val Ala Phe Gly Ala Pro
90 95 100
gat gag ctc aaa gtg gat gaa aac ggc gtc gtc ggt ggc ggc gtt cac 451

Asp Glu Leu Lys Val Asp Glu Asn Gly Val Val Gly Gly Gly Val His
105 110 115
ctg aaa cca cag cag gtc aat gag ctt gtg gaa gcc cgt ggc gat gaa 499
Leu Lys Pro Gln Gln Val Asn Glu Leu Val Glu Ala Arg Gly Asp Glu
120 125 130
gtt gtg ttc ttt gac ggc cgc aac gca atg gaa gcc cag atc ggc aag 547
Val Val Phe Phe Asp Gly Arg Asn Ala Met Glu Ala Gln Ile Gly Lys
135 140 145

ttc aag gac gct gtt gtc cct gac gta gaa acc act cat gat ttc atc 595
Phe Lys Asp Ala Val Val Pro Asp Val Glu Thr Thr His Asp Phe Ile
150 155 160 165
gca gaa att gag tct gga aaa tac gac gat ctc aaa gac aag cct gtg 643
Ala Glu Ile Glu Ser Gly Lys Tyr Asp Asp Leu Lys Asp Lys Pro Val
170 175 180
gtc acc tac tgc acc ggc gga att cgt tgt gag atc ctg agt tca ctc 691
Val Thr Tyr Cys Thr Gly Gly Ile Arg Cys Glu Ile Leu Ser Ser Leu

185 190 195
atg atc aac cgt ggt ttc aaa gag gtc tac caa atc gat ggc ggc atc 739
Met Ile Asn Arg Gly Phe Lys Glu Val Tyr Gln Ile Asp Gly Gly Ile
200 205 210
gtt cgc tac ggc gag cag ttt ggc aac aag ggc ctg tgg gaa ggc tcc 787
Val Arg Tyr Gly Glu Gln Phe Gly Asn Lys Gly Leu Trp Glu Gly Ser
215 220 225
ctc tac gtt ttc gat aag cgc atg cat atg gaa ttc ggc gag gat tac 835

Leu Tyr Val Phe Asp Lys Arg Met His Met Glu Phe Gly Glu Asp Tyr

```
230                 235                 240                 245
aaa gag gtc gga cac tgc atc cat tgc gat act ccc acc aac aaa ttt   883
Lys Glu Val Gly His Cys Ile His Cys Asp Thr Pro Thr Asn Lys Phe
                250                 255                 260
gag cac tgc ctc aac gaa gat gat tgc cgc gag ctc gtg ttg atg tgc   931
Glu His Cys Leu Asn Glu Asp Asp Cys Arg Glu Leu Val Leu Met Cys
            265                 270                 275

cct gat tgc ttc gcc aat gtt gag acc cgt cat tgc aag cgc gaa cgc   979
Pro Asp Cys Phe Ala Asn Val Glu Thr Arg His Cys Lys Arg Glu Arg
        280                 285                 290
tgt gca gca att gct gcg gat ttc gct gag caa gga att gat ccg ctc   1027
Cys Ala Ala Ile Ala Ala Asp Phe Ala Glu Gln Gly Ile Asp Pro Leu
    295                 300                 305
gtt act tct taaaaagggt atggtggctg ggt                            1059
Val Thr Ser
310
```

<210> 22
<211> 312
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 22

```
Val Ala Thr Ser Lys Ile Leu Leu Tyr Tyr Ala Phe Thr Pro Leu Ser
  1               5                  10                  15
Asp Pro Lys Ala Val Gln Leu Trp Gln Arg Glu Leu Cys Glu Ser Leu
             20                  25                  30
Asn Leu Arg Gly Arg Ile Leu Ile Ser Thr His Gly Ile Asn Gly Thr
         35                  40                  45
Val Gly Gly Asp Ile Asp Asp Cys Lys Ala Tyr Ile Lys Lys Thr Arg

     50                  55                  60
Glu Tyr Pro Gly Phe Asn Arg Met Gln Phe Lys Trp Ser Glu Gly Gly
 65                  70                  75                  80
Ala Glu Asp Phe Pro Lys Leu Ser Val Lys Val Arg Asp Glu Ile Val
                 85                  90                  95
Ala Phe Gly Ala Pro Asp Glu Leu Lys Val Asp Glu Asn Gly Val Val
            100                 105                 110
Gly Gly Gly Val His Leu Lys Pro Gln Gln Val Asn Glu Leu Val Glu

        115                 120                 125
Ala Arg Gly Asp Glu Val Val Phe Phe Asp Gly Arg Asn Ala Met Glu
    130                 135                 140
Ala Gln Ile Gly Lys Phe Lys Asp Ala Val Val Pro Asp Val Glu Thr
145                 150                 155                 160
Thr His Asp Phe Ile Ala Glu Ile Glu Ser Gly Lys Tyr Asp Asp Leu
                165                 170                 175
Lys Asp Lys Pro Val Val Thr Tyr Cys Thr Gly Gly Ile Arg Cys Glu

            180                 185                 190
Ile Leu Ser Ser Leu Met Ile Asn Arg Gly Phe Lys Glu Val Tyr Gln
        195                 200                 205
Ile Asp Gly Gly Ile Val Arg Tyr Gly Glu Gln Phe Gly Asn Lys Gly
    210                 215                 220
Leu Trp Glu Gly Ser Leu Tyr Val Phe Asp Lys Arg Met His Met Glu
225                 230                 235                 240
```

```
Phe Gly Glu Asp Tyr Lys Glu Val Gly His Cys Ile His Cys Asp Thr

               245                 250                 255
Pro Thr Asn Lys Phe Glu His Cys Leu Asn Glu Asp Asp Cys Arg Glu
           260                 265                 270
Leu Val Leu Met Cys Pro Asp Cys Phe Ala Asn Val Glu Thr Arg His
       275                 280                 285
Cys Lys Arg Glu Arg Cys Ala Ala Ile Ala Ala Asp Phe Ala Glu Gln
   290                 295                 300
Gly Ile Asp Pro Leu Val Thr Ser
305                 310
```

<210> 23
<211> 1386
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1363)
<223> RXA00534
<400> 23

```
ctgtgcagaa agaaaacact cctctggcta ggtagacaca gtttataaag gtagagttga 60
gcgggtaact gtcagcacgt agatcgaaag gtgcacaaag gtg gcc ctg gtc gta   115
                                              Val Ala Leu Val Val
                                                1               5
cag aaa tat ggc ggt tcc tcg ctt gag agt gcg gaa cgc att aga aac   163
Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala Glu Arg Ile Arg Asn
                10                  15                  20

gtc gct gaa cgg atc gtt gcc acc aag aag gct gga aat gat gtc gtg   211
Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala Gly Asn Asp Val Val
            25                  30                  35
gtt gtc tgc tcc gca atg gga gac acc acg gat gaa ctt cta gaa ctt   259
Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp Glu Leu Leu Glu Leu
        40                  45                  50
gca gcg gca gtg aat ccc gtt ccg cca gct cgt gaa atg gat atg ctc   307
Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg Glu Met Asp Met Leu

    55                  60                  65
ctg act gct ggt gag cgt att tct aac gct ctc gtc gcc atg gct att   355
Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu Val Ala Met Ala Ile
70                  75                  80                  85
gag tcc ctt ggc gca gaa gcc caa tct ttc acg ggc tct cag gct ggt   403
Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr Gly Ser Gln Ala Gly
                90                  95                  100
gtg ctc acc acc gag cgc cac gga aac gca cgc att gtt gat gtc act   451

Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg Ile Val Asp Val Thr
            105                 110                 115
cca ggt cgt gtg cgt gaa gca ctc gat gag ggc aag atc tgc att gtt   499
Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly Lys Ile Cys Ile Val
        120                 125                 130
gct ggt ttc cag ggt gtt aat aaa gaa acc cgc gat gtc acc acg ttg   547
Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg Asp Val Thr Thr Leu
    135                 140                 145
```

```
ggt cgt ggt ggt tct gac acc act gca gtt gcg ttg gca gct gct ttg   595
Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala Leu Ala Ala Ala Leu
150                 155                 160                 165
aac gct gat gtg tgt gag att tac tcg gac gtt gac ggt gtg tat acc   643
Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val Asp Gly Val Tyr Thr
                170                 175                 180
gct gac ccg cgc atc gtt cct aat gca cag aag ctg gaa aag ctc agc   691
Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys Leu Glu Lys Leu Ser

            185                 190                 195
ttc gaa gaa atg ctg gaa ctt gct gct gtt ggc tcc aag att ttg gtg   739
Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly Ser Lys Ile Leu Val
        200                 205                 210
ctg cgc agt gtt gaa tac gct cgt gca ttc aat gtg cca ctt cgc gta   787
Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn Val Pro Leu Arg Val
    215                 220                 225
cgc tcg tct tat agt aat gat ccc ggc act ttg att gcc ggc tct atg   835

Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu Ile Ala Gly Ser Met
230                 235                 240                 245
gag gat att cct gtg gaa gaa gca gtc ctt acc ggt gtc gca acc gac   883
Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp
                250                 255                 260
aag tcc gaa gcc aaa gta acc gtt ctg ggt att tcc gat aag cca ggc   931
Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser Asp Lys Pro Gly
            265                 270                 275

gag gct gcg aag gtt ttc cgt gcg ttg gct gat gca gaa atc aac att   979
Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Glu Ile Asn Ile
        280                 285                 290
gac atg gtt ctg cag aac gtc tct tct gta gaa gac ggc acc acc gac   1027
Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gly Thr Thr Asp
    295                 300                 305
atc acc ttc acc tgc cct cgt tcc gac ggc cgc cgc gcg atg gag atc   1075
Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg Arg Ala Met Glu Ile

310                 315                 320                 325
ttg aag aag ctt cag gtt cag ggc aac tgg acc aat gtg ctt tac gac   1123
Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Val Leu Tyr Asp
                330                 335                 340
gac cag gtc ggc aaa gtc tcc ctc gtg ggt gct ggc atg aag tct cac   1171
Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Met Lys Ser His
            345                 350                 355
cca ggt gtt acc gca gag ttc atg gaa gct ctg cgc gat gtc aac gtg   1219

Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg Asp Val Asn Val
        360                 365                 370
aac atc gaa ttg att tcc acc tct gag att cgt att tcc gtg ctg atc   1267
Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Ser Val Leu Ile
    375                 380                 385
cgt gaa gat gat ctg gat gct gct gca cgt gca ttg cat gag cag ttc   1315
Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu His Glu Gln Phe
390                 395                 400                 405

cag ctg ggc ggc gaa gac gaa gcc gtc gtt tat gca ggc acc gga cgc   1363
Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala Gly Thr Gly Arg
                410                 415                 420
```

taaagtttta aaggagtagt ttt 1386

<210> 24
<211> 421
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 24

```
Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
  1               5                  10                  15
Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala

             20                  25                  30
Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
         35                  40                  45
Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
     50                  55                  60
Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
 65                  70                  75                  80
Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr

                 85                  90                  95
Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
            100                 105                 110
Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
        115                 120                 125
Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
    130                 135                 140
Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala

145                 150                 155                 160
Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
                165                 170                 175
Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
            180                 185                 190
Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
        195                 200                 205
Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn

    210                 215                 220
Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
225                 230                 235                 240
Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
                245                 250                 255
Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
            260                 265                 270
Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp

        275                 280                 285
Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu
    290                 295                 300
Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
305                 310                 315                 320
Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
                325                 330                 335
Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala

            340                 345                 350
Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
```

```
        355                 360                 365
Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
    370                 375                 380
Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala
385                 390                 395                 400
Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr

                405                 410                 415
Ala Gly Thr Gly Arg
            420
<210> 25
<211> 1155
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1132)
<223> RXA00533
<400> 25
ctgcacgtgc attgcatgag cagttccagc tgggcggcga agacgaagcc gtcgtttatg 60
caggcaccgg acgctaaagt tttaaaggag tagttttaca atg acc acc atc gca   115
                                            Met Thr Thr Ile Ala
                                              1               5
gtt gtt ggt gca acc ggc cag gtc ggc cag gtt atg cgc acc ctt ttg   163
Val Val Gly Ala Thr Gly Gln Val Gly Gln Val Met Arg Thr Leu Leu
                10                  15                  20

gaa gag cgc aat ttc cca gct gac act gtt cgt ttc ttt gct tcc cca   211
Glu Glu Arg Asn Phe Pro Ala Asp Thr Val Arg Phe Phe Ala Ser Pro
            25                  30                  35
cgt tcc gca ggc cgt aag att gaa ttc cgt ggc acg gaa atc gag gta   259
Arg Ser Ala Gly Arg Lys Ile Glu Phe Arg Gly Thr Glu Ile Glu Val
        40                  45                  50
gaa gac att act cag gca acc gag gag tcc ctc aag gac atc gac gtt   307
Glu Asp Ile Thr Gln Ala Thr Glu Glu Ser Leu Lys Asp Ile Asp Val

    55                  60                  65
gcg ttg ttc tcc gct gga ggc acc gct tcc aag cag tac gct cca ctg   355
Ala Leu Phe Ser Ala Gly Gly Thr Ala Ser Lys Gln Tyr Ala Pro Leu
70                  75                  80                  85
ttc gct gct gca ggc gcg act gtt gtg gat aac tct tct gct tgg cgc   403
Phe Ala Ala Ala Gly Ala Thr Val Val Asp Asn Ser Ser Ala Trp Arg
                90                  95                  100
aag gac gac gag gtt cca cta atc gtc tct gag gtg aac cct tcc gac   451

Lys Asp Asp Glu Val Pro Leu Ile Val Ser Glu Val Asn Pro Ser Asp
            105                 110                 115
aag gat tcc ctg gtc aag ggc att att gcg aac cct aac tgc acc acc   499
Lys Asp Ser Leu Val Lys Gly Ile Ile Ala Asn Pro Asn Cys Thr Thr
        120                 125                 130
atg gct gcg atg cca gtg ctg aag cca ctt cac gat gcc gct ggt ctt   547
Met Ala Ala Met Pro Val Leu Lys Pro Leu His Asp Ala Ala Gly Leu
    135                 140                 145

gta aag ctt cac gtt tcc tct tac cag gct gtt tcc ggt tct ggt ctt   595
Val Lys Leu His Val Ser Ser Tyr Gln Ala Val Ser Gly Ser Gly Leu
```

```
150                 155                 160                 165
gca ggt gtg gaa acc ttg gca aag cag gtt gct gca gtt gga gac cac   643
Ala Gly Val Glu Thr Leu Ala Lys Gln Val Ala Ala Val Gly Asp His
                170                 175                 180
aac gtt gag ttc gtc cat gat gga cag gct gct gac gca ggc gat gtc   691
Asn Val Glu Phe Val His Asp Gly Gln Ala Ala Asp Ala Gly Asp Val

            185                 190                 195
gga cct tat gtt tca cca atc gct tac aac gtg ctg cca ttc gcc gga   739
Gly Pro Tyr Val Ser Pro Ile Ala Tyr Asn Val Leu Pro Phe Ala Gly
        200                 205                 210
aac ctc gtc gat gac ggc acc ttc gaa acc gat gaa gag cag aag ctg   787
Asn Leu Val Asp Asp Gly Thr Phe Glu Thr Asp Glu Glu Gln Lys Leu
    215                 220                 225
cgc aac gaa tcc cgc aag att ctc ggt ctc cca gac ctc aag gtc tca   835

Arg Asn Glu Ser Arg Lys Ile Leu Gly Leu Pro Asp Leu Lys Val Ser
230                 235                 240                 245
ggc acc tgc gtc cgc gtg ccg gtt ttc acc ggc cac acg ctg acc att   883
Gly Thr Cys Val Arg Val Pro Val Phe Thr Gly His Thr Leu Thr Ile
                250                 255                 260
cac gcc gaa ttc gac aag gca atc acc gtg gac cag gcg cag gag atc   931
His Ala Glu Phe Asp Lys Ala Ile Thr Val Asp Gln Ala Gln Glu Ile
            265                 270                 275

ttg ggt gcc gct tca ggc gtc aag ctt gtc gac gtc cca acc cca ctt   979
Leu Gly Ala Ala Ser Gly Val Lys Leu Val Asp Val Pro Thr Pro Leu
        280                 285                 290
gca gct gcc ggc att gac gaa tcc ctc gtt gga cgc atc cgt cag gac   1027
Ala Ala Ala Gly Ile Asp Glu Ser Leu Val Gly Arg Ile Arg Gln Asp
    295                 300                 305
tcc act gtc gac gat aac cgc ggt ctg gtt ctc gtc gta tct ggc gac   1075
Ser Thr Val Asp Asp Asn Arg Gly Leu Val Leu Val Val Ser Gly Asp

310                 315                 320                 325
aac ctc cgc aag ggt gct gcg cta aac acc atc cag atc gct gag ctg   1123
Asn Leu Arg Lys Gly Ala Ala Leu Asn Thr Ile Gln Ile Ala Glu Leu
                330                 335                 340
ctg gtt aag taaaaacccg ccattaaaaa ctc                             1155
Leu Val Lys
<210> 26
<211> 344
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 26
Met Thr Thr Ile Ala Val Val Gly Ala Thr Gly Gln Val Gly Gln Val
  1               5                  10                  15

Met Arg Thr Leu Leu Glu Glu Arg Asn Phe Pro Ala Asp Thr Val Arg
             20                  25                  30
Phe Phe Ala Ser Pro Arg Ser Ala Gly Arg Lys Ile Glu Phe Arg Gly
         35                  40                  45
Thr Glu Ile Glu Val Glu Asp Ile Thr Gln Ala Thr Glu Glu Ser Leu
     50                  55                  60
Lys Asp Ile Asp Val Ala Leu Phe Ser Ala Gly Gly Thr Ala Ser Lys
 65                  70                  75                  80
```

```
Gln Tyr Ala Pro Leu Phe Ala Ala Ala Gly Ala Thr Val Val Asp Asn
                85                  90                  95
Ser Ser Ala Trp Arg Lys Asp Asp Glu Val Pro Leu Ile Val Ser Glu
            100                 105                 110
Val Asn Pro Ser Asp Lys Asp Ser Leu Val Lys Gly Ile Ile Ala Asn
        115                 120                 125
Pro Asn Cys Thr Thr Met Ala Ala Met Pro Val Leu Lys Pro Leu His
    130                 135                 140

Asp Ala Ala Gly Leu Val Lys Leu His Val Ser Ser Tyr Gln Ala Val
145                 150                 155                 160
Ser Gly Ser Gly Leu Ala Gly Val Glu Thr Leu Ala Lys Gln Val Ala
                165                 170                 175
Ala Val Gly Asp His Asn Val Glu Phe Val His Asp Gly Gln Ala Ala
            180                 185                 190
Asp Ala Gly Asp Val Gly Pro Tyr Val Ser Pro Ile Ala Tyr Asn Val
        195                 200                 205

Leu Pro Phe Ala Gly Asn Leu Val Asp Asp Gly Thr Phe Glu Thr Asp
    210                 215                 220
Glu Glu Gln Lys Leu Arg Asn Glu Ser Arg Lys Ile Leu Gly Leu Pro
225                 230                 235                 240
Asp Leu Lys Val Ser Gly Thr Cys Val Arg Val Pro Val Phe Thr Gly
                245                 250                 255
His Thr Leu Thr Ile His Ala Glu Phe Asp Lys Ala Ile Thr Val Asp
            260                 265                 270

Gln Ala Gln Glu Ile Leu Gly Ala Ala Ser Gly Val Lys Leu Val Asp
        275                 280                 285
Val Pro Thr Pro Leu Ala Ala Ala Gly Ile Asp Glu Ser Leu Val Gly
    290                 295                 300
Arg Ile Arg Gln Asp Ser Thr Val Asp Asp Asn Arg Gly Leu Val Leu
305                 310                 315                 320
Val Val Ser Gly Asp Asn Leu Arg Lys Gly Ala Ala Leu Asn Thr Ile
                325                 330                 335

Gln Ile Ala Glu Leu Leu Val Lys
            340
<210> 27
<211> 608
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (69)..(608)
<223> RXA02843
<400> 27
cccattgcgc ggaggtcgca ccccttccga cttgaactga taggccgata gaaattattc 60
tggacgtc atg act act gct tcc gca acc gga att gca aca ctg acc tcc  110
         Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser
          1               5                  10
acc ggc gac gtc ctg gac gtg tgg tat cca gaa atc ggg tcc acc gac   158
Thr Gly Asp Val Leu Asp Val Trp Tyr Pro Glu Ile Gly Ser Thr Asp
 15                  20                  25                  30

cag tcc gcg ctc aca cct cta gaa ggc gtc gat gaa gat cga aac gtc   206
```

```
Gln Ser Ala Leu Thr Pro Leu Glu Gly Val Asp Glu Asp Arg Asn Val
                35                  40                  45
acc cgc aaa atc gtg acg aca act atc gac acc gac gca gcc ccc acc   254
Thr Arg Lys Ile Val Thr Thr Thr Ile Asp Thr Asp Ala Ala Pro Thr
            50                  55                  60
gac acc tac gat gca tgg ctg cgc ctt cac ctc ctc tcc cac cgc gtt   302
Asp Thr Tyr Asp Ala Trp Leu Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Val

        65                  70                  75
ttc cgc cct cac acc atc aac cta gac ggc att ttc ggc ctc ctc aac   350
Phe Arg Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn
    80                  85                  90
aat gtc gtg tgg acc aac ttc gga ccg tgc gca gtt gac ggt ttc gca   398
Asn Val Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala
95                  100                 105                 110
ctc acc cgc gcg cgc ctg tca cgc cga ggc caa gtt acg gtt tat agc   446

Leu Thr Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser
                115                 120                 125
gtc gac aag ttc cca cgc atg gtc gac tat gtg gtt ccc tcg ggc gtg   494
Val Asp Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val
            130                 135                 140
cgc atc ggt gac gcc gac cgc gtc cga ctt ggc gcg tac ctg gca gat   542
Arg Ile Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp
        145                 150                 155

ggc acc acc gtg atg cat gag ggc ttc gtg aac ttc aac gct ggc acg   590
Gly Thr Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr
    160                 165                 170
ctc ggc gct tcc atg gtt                                          608
Leu Gly Ala Ser Met Val
175                 180
<210> 28
<211> 180
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 28
Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Thr Gly
  1               5                  10                  15

Asp Val Leu Asp Val Trp Tyr Pro Glu Ile Gly Ser Thr Asp Gln Ser
            20                  25                  30
Ala Leu Thr Pro Leu Glu Gly Val Asp Glu Asp Arg Asn Val Thr Arg
        35                  40                  45
Lys Ile Val Thr Thr Thr Ile Asp Thr Asp Ala Ala Pro Thr Asp Thr
    50                  55                  60
Tyr Asp Ala Trp Leu Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Val Phe Arg
65                  70                  75                  80

Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn Asn Val
                85                  90                  95
Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala Leu Thr
            100                 105                 110
Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser Val Asp
        115                 120                 125
Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val Arg Ile
```

```
    130                 135                 140

Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp Gly Thr
145                 150                 155                 160
Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr Leu Gly
                165                 170                 175
Ala Ser Met Val
            180
<210> 29
<211> 1230
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1207)
<223> RXA02022
<400> 29
tatttgcgat tccaactgct tgggctccgc gaatgttttc actcattttt taatcgaccg 60
cttccatcat gttttaacta aggtttgtag gcttaaacct gtg aac tct gaa ctc   115
                                        Val Asn Ser Glu Leu
                                          1               5
aaa cca gga tta gat ctc ctc ggc gac cca att gtc ctt act caa cgt   163
Lys Pro Gly Leu Asp Leu Leu Gly Asp Pro Ile Val Leu Thr Gln Arg
                10                  15                  20

ttg gta gat ata ccg agt ccg tcg ggt cag gaa aag cag att gct gat   211
Leu Val Asp Ile Pro Ser Pro Ser Gly Gln Glu Lys Gln Ile Ala Asp
            25                  30                  35
gaa att gaa gat gcc ctt cgg aac ctt aat cta cct ggt gta gag gtc   259
Glu Ile Glu Asp Ala Leu Arg Asn Leu Asn Leu Pro Gly Val Glu Val
        40                  45                  50
ttc cgc ttc aac aac aac gtt ctt gct cgc acg aac agg gga ttg gcc   307
Phe Arg Phe Asn Asn Asn Val Leu Ala Arg Thr Asn Arg Gly Leu Ala

    55                  60                  65
tcg agg gtc atg ctt gct ggt cat atc gat aca gtg ccg atc gcg gac   355
Ser Arg Val Met Leu Ala Gly His Ile Asp Thr Val Pro Ile Ala Asp
70                  75                  80                  85
aat ctg cca agc cgt gtg gaa gac ggc atc atg tat ggc tgt ggc acc   403
Asn Leu Pro Ser Arg Val Glu Asp Gly Ile Met Tyr Gly Cys Gly Thr
                90                  95                  100
gtc gat atg aaa tct ggg ttg gcg gtg tat ttg cat act ttt gcc acc   451

Val Asp Met Lys Ser Gly Leu Ala Val Tyr Leu His Thr Phe Ala Thr
            105                 110                 115
ttg gcc acg tcg act gag ctt aaa cat gat ctg acg ctg att gcg tat   499
Leu Ala Thr Ser Thr Glu Leu Lys His Asp Leu Thr Leu Ile Ala Tyr
        120                 125                 130
gag tgc gag gaa gtt gct gat cac ctc aat ggt ttg ggc cac att cgc   547
Glu Cys Glu Glu Val Ala Asp His Leu Asn Gly Leu Gly His Ile Arg
    135                 140                 145

gat gag cat ccg gag tgg ttg gcg gct gat ttg gcg ttg ttg ggt gag   595
Asp Glu His Pro Glu Trp Leu Ala Ala Asp Leu Ala Leu Leu Gly Glu
150                 155                 160                 165
cct act ggc ggc tgg att gag gcg ggc tgc cag ggc aat ctg cgc atc   643
```

```
Pro Thr Gly Gly Trp Ile Glu Ala Gly Cys Gln Gly Asn Leu Arg Ile
                170                 175                 180
aag gtg acg gcg cat ggt gtg cgt gcc cat tcg gcg aga agc tgg ttg   691
Lys Val Thr Ala His Gly Val Arg Ala His Ser Ala Arg Ser Trp Leu

            185                 190                 195
ggt gat aat gcg atg cat aag ttg tcg ccg atc att tcg aag gtt gct   739
Gly Asp Asn Ala Met His Lys Leu Ser Pro Ile Ile Ser Lys Val Ala
        200                 205                 210
gcg tat aag gcc gca gaa gtc aac att gat ggc ttg acc tac cgt gaa   787
Ala Tyr Lys Ala Ala Glu Val Asn Ile Asp Gly Leu Thr Tyr Arg Glu
    215                 220                 225
ggc ctc aac atc gtt ttc tgc gaa tcg ggc gtg gca aac aac gtc att   835

Gly Leu Asn Ile Val Phe Cys Glu Ser Gly Val Ala Asn Asn Val Ile
230                 235                 240                 245
cca gac ctc gcg tgg atg aac ctc aac ttc cgt ttc gcg ccg aat cgc   883
Pro Asp Leu Ala Trp Met Asn Leu Asn Phe Arg Phe Ala Pro Asn Arg
                250                 255                 260
gat ctc aac gag gcg atc gag cat gtc gtc gaa acg ctt gag ctt gac   931
Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu His Val Val Glu Thr Leu Glu Leu Asp
            265                 270                 275

ggt caa gac ggc atc gaa tgg gcc gta gaa gac ggg gca ggc ggt gcc   979
Gly Gln Asp Gly Ile Glu Trp Ala Val Glu Asp Gly Ala Gly Gly Ala
        280                 285                 290
ctt cca ggc ttg ggg cag cag gtg aca agc ggg ctt atc gac gcc gtc   1027
Leu Pro Gly Leu Gly Gln Gln Val Thr Ser Gly Leu Ile Asp Ala Val
    295                 300                 305
ggc cgc gaa aaa atc cgc gca aaa ttc ggc tgg acc gat gtc tca cgt   1075
Gly Arg Glu Lys Ile Arg Ala Lys Phe Gly Trp Thr Asp Val Ser Arg

310                 315                 320                 325
ttt tca gcc atg gga att cca gcc cta aac ttt ggc gct ggt gat cca   1123
Phe Ser Ala Met Gly Ile Pro Ala Leu Asn Phe Gly Ala Gly Asp Pro
                330                 335                 340
agt ttc gcg cat aaa cgc gac gag cag tgc cca gtg gag caa atc acg   1171
Ser Phe Ala His Lys Arg Asp Glu Gln Cys Pro Val Glu Gln Ile Thr
            345                 350                 355
gat gtg gca gca att ttg aag cag tac ctg agc gag taaccgcatt        1217

Asp Val Ala Ala Ile Leu Lys Gln Tyr Leu Ser Glu
        360                 365
cggggttatc gtg                                                   1230
<210> 30
<211> 369
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 30
Val Asn Ser Glu Leu Lys Pro Gly Leu Asp Leu Leu Gly Asp Pro Ile
  1               5                  10                  15
Val Leu Thr Gln Arg Leu Val Asp Ile Pro Ser Pro Ser Gly Gln Glu
             20                  25                  30

Lys Gln Ile Ala Asp Glu Ile Glu Asp Ala Leu Arg Asn Leu Asn Leu
         35                  40                  45
Pro Gly Val Glu Val Phe Arg Phe Asn Asn Asn Val Leu Ala Arg Thr
```

```
     50                  55                  60
Asn Arg Gly Leu Ala Ser Arg Val Met Leu Ala Gly His Ile Asp Thr
 65                  70                  75                  80
Val Pro Ile Ala Asp Asn Leu Pro Ser Arg Val Glu Asp Gly Ile Met
                 85                  90                  95

Tyr Gly Cys Gly Thr Val Asp Met Lys Ser Gly Leu Ala Val Tyr Leu
            100                 105                 110
His Thr Phe Ala Thr Leu Ala Thr Ser Thr Glu Leu Lys His Asp Leu
        115                 120                 125
Thr Leu Ile Ala Tyr Glu Cys Glu Glu Val Ala Asp His Leu Asn Gly
    130                 135                 140
Leu Gly His Ile Arg Asp Glu His Pro Glu Trp Leu Ala Ala Asp Leu
145                 150                 155                 160

Ala Leu Leu Gly Glu Pro Thr Gly Gly Trp Ile Glu Ala Gly Cys Gln
                165                 170                 175
Gly Asn Leu Arg Ile Lys Val Thr Ala His Gly Val Arg Ala His Ser
            180                 185                 190
Ala Arg Ser Trp Leu Gly Asp Asn Ala Met His Lys Leu Ser Pro Ile
        195                 200                 205
Ile Ser Lys Val Ala Ala Tyr Lys Ala Ala Glu Val Asn Ile Asp Gly
    210                 215                 220

Leu Thr Tyr Arg Glu Gly Leu Asn Ile Val Phe Cys Glu Ser Gly Val
225                 230                 235                 240
Ala Asn Asn Val Ile Pro Asp Leu Ala Trp Met Asn Leu Asn Phe Arg
                245                 250                 255
Phe Ala Pro Asn Arg Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu His Val Val Glu
            260                 265                 270
Thr Leu Glu Leu Asp Gly Gln Asp Gly Ile Glu Trp Ala Val Glu Asp
        275                 280                 285

Gly Ala Gly Gly Ala Leu Pro Gly Leu Gly Gln Gln Val Thr Ser Gly
    290                 295                 300
Leu Ile Asp Ala Val Gly Arg Glu Lys Ile Arg Ala Lys Phe Gly Trp
305                 310                 315                 320
Thr Asp Val Ser Arg Phe Ser Ala Met Gly Ile Pro Ala Leu Asn Phe
                325                 330                 335
Gly Ala Gly Asp Pro Ser Phe Ala His Lys Arg Asp Glu Gln Cys Pro
            340                 345                 350

Val Glu Gln Ile Thr Asp Val Ala Ala Ile Leu Lys Gln Tyr Leu Ser
        355                 360                 365
Glu
<210> 31
<211> 1059
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1036)
<223> RXA00044
<400> 31
attacctcag ccttccaagc tgatgatgca ttacttaaaa actgcagaca cttgaaaaac 60
ttctcacccg cactcgttcc ctcaacccac aaggagcacc atg gct tcc gca act   115
```

```
                                            Met Ala Ser Ala Thr
                                             1               5
ttc acc ggc gtg atc cca ccc gta atg acc cca ctc cac gcc gac ggc   163
Phe Thr Gly Val Ile Pro Pro Val Met Thr Pro Leu His Ala Asp Gly
                10                  15                  20

agt gtg gat gta gaa agc ctc cgc aag ctc gtt gac cac ctc atc aat   211
Ser Val Asp Val Glu Ser Leu Arg Lys Leu Val Asp His Leu Ile Asn
            25                  30                  35
ggt ggc gtc gac gga ctt ttc gca ctg ggc tcc tca ggc gaa gcg gca   259
Gly Gly Val Asp Gly Leu Phe Ala Leu Gly Ser Ser Gly Glu Ala Ala
        40                  45                  50
ttc ctc acc cgc gcc cag cgc aaa ctc gca ctg acc acc atc atc gag   307
Phe Leu Thr Arg Ala Gln Arg Lys Leu Ala Leu Thr Thr Ile Ile Glu

    55                  60                  65
cac acc gca ggc cgc gtt ccc gta act gct ggt gtc att gaa acc acc   355
His Thr Ala Gly Arg Val Pro Val Thr Ala Gly Val Ile Glu Thr Thr
 70                  75                  80                  85
act gct cgc gtg att gag ctc gtg gaa gat gcc ctg gag gct ggt gcc   403
Thr Ala Arg Val Ile Glu Leu Val Glu Asp Ala Leu Glu Ala Gly Ala
                90                  95                  100
gaa ggc ctc gtt gcc act gca cct ttc tac acc cgc acc cac gat gtg   451

Glu Gly Leu Val Ala Thr Ala Pro Phe Tyr Thr Arg Thr His Asp Val
            105                 110                 115
gaa att gaa gaa cac ttc cgc aag atc cac gcc gcc gct cca gag ctt   499
Glu Ile Glu Glu His Phe Arg Lys Ile His Ala Ala Ala Pro Glu Leu
        120                 125                 130
cca ctg ttt gcc tac aac atc cca gtg tcg gtg cac tcc aac ctc aac   547
Pro Leu Phe Ala Tyr Asn Ile Pro Val Ser Val His Ser Asn Leu Asn
    135                 140                 145

cca gtc atg ctt ttg acg ctg gcc aag gat ggc gtt ctt gca ggc acc   595
Pro Val Met Leu Leu Thr Leu Ala Lys Asp Gly Val Leu Ala Gly Thr
150                 155                 160                 165
aag gat tcc agt ggc aat gat ggc gca atc cgc tca ctg atc gaa gct   643
Lys Asp Ser Ser Gly Asn Asp Gly Ala Ile Arg Ser Leu Ile Glu Ala
                170                 175                 180
cgt gat gat gct gga ctc act gag cag ttc aag atc ctc acc ggc agc   691
Arg Asp Asp Ala Gly Leu Thr Glu Gln Phe Lys Ile Leu Thr Gly Ser

            185                 190                 195
gaa acc acc gtt gat ttc gcc tac ctt gcg ggt gcc gat gga gtt gtc   739
Glu Thr Thr Val Asp Phe Ala Tyr Leu Ala Gly Ala Asp Gly Val Val
        200                 205                 210
cca ggc ctg ggc aat gtt gat cct gca gca tac gca gct tta gca aaa   787
Pro Gly Leu Gly Asn Val Asp Pro Ala Ala Tyr Ala Ala Leu Ala Lys
    215                 220                 225
ctc tgc ctc gat gga aag tgg gca gaa gct gct gct ttg cag aag cgc   835

Leu Cys Leu Asp Gly Lys Trp Ala Glu Ala Ala Ala Leu Gln Lys Arg
230                 235                 240                 245
atc aac cac ctc ttc cac atc gtc ttc gtg gga gac acc tcc cat atg   883
Ile Asn His Leu Phe His Ile Val Phe Val Gly Asp Thr Ser His Met
                250                 255                 260
tcc gga tcc agc gct ggt ttg ggc ggt ttc aag aca gca ctc gca cac   931
```

```
Ser Gly Ser Ser Ala Gly Leu Gly Gly Phe Lys Thr Ala Leu Ala His
            265                 270                 275

ctt ggc att att gaa tcc aat gcg atg gca gtt cct cac cag agc ctc   979
Leu Gly Ile Ile Glu Ser Asn Ala Met Ala Val Pro His Gln Ser Leu
        280                 285                 290
agc gac gaa gaa act gct cgc att cac gcc att gtt gat gaa ttc ctg   1027
Ser Asp Glu Glu Thr Ala Arg Ile His Ala Ile Val Asp Glu Phe Leu
    295                 300                 305
tac acc gct taaggcccac acctcatgac tga                            1059
Tyr Thr Ala
310

<210> 32
<211> 312
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 32
Met Ala Ser Ala Thr Phe Thr Gly Val Ile Pro Pro Val Met Thr Pro
  1               5                  10                  15
Leu His Ala Asp Gly Ser Val Asp Val Glu Ser Leu Arg Lys Leu Val
             20                  25                  30
Asp His Leu Ile Asn Gly Gly Val Asp Gly Leu Phe Ala Leu Gly Ser
         35                  40                  45
Ser Gly Glu Ala Ala Phe Leu Thr Arg Ala Gln Arg Lys Leu Ala Leu

     50                  55                  60
Thr Thr Ile Ile Glu His Thr Ala Gly Arg Val Pro Val Thr Ala Gly
 65                  70                  75                  80
Val Ile Glu Thr Thr Thr Ala Arg Val Ile Glu Leu Val Glu Asp Ala
                 85                  90                  95
Leu Glu Ala Gly Ala Glu Gly Leu Val Ala Thr Ala Pro Phe Tyr Thr
            100                 105                 110
Arg Thr His Asp Val Glu Ile Glu Glu His Phe Arg Lys Ile His Ala

        115                 120                 125
Ala Ala Pro Glu Leu Pro Leu Phe Ala Tyr Asn Ile Pro Val Ser Val
    130                 135                 140
His Ser Asn Leu Asn Pro Val Met Leu Leu Thr Leu Ala Lys Asp Gly
145                 150                 155                 160
Val Leu Ala Gly Thr Lys Asp Ser Ser Gly Asn Asp Gly Ala Ile Arg
                165                 170                 175
Ser Leu Ile Glu Ala Arg Asp Asp Ala Gly Leu Thr Glu Gln Phe Lys

            180                 185                 190
Ile Leu Thr Gly Ser Glu Thr Thr Val Asp Phe Ala Tyr Leu Ala Gly
        195                 200                 205
Ala Asp Gly Val Val Pro Gly Leu Gly Asn Val Asp Pro Ala Ala Tyr
    210                 215                 220
Ala Ala Leu Ala Lys Leu Cys Leu Asp Gly Lys Trp Ala Glu Ala Ala
225                 230                 235                 240
Ala Leu Gln Lys Arg Ile Asn His Leu Phe His Ile Val Phe Val Gly

                245                 250                 255
Asp Thr Ser His Met Ser Gly Ser Ser Ala Gly Leu Gly Gly Phe Lys
            260                 265                 270
Thr Ala Leu Ala His Leu Gly Ile Ile Glu Ser Asn Ala Met Ala Val
```

```
        275                 280                 285
Pro His Gln Ser Leu Ser Asp Glu Glu Thr Ala Arg Ile His Ala Ile
    290                 295                 300
Val Asp Glu Phe Leu Tyr Thr Ala
305                 310

<210> 33
<211> 867
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(844)
<223> RXA00863
<400> 33
aacggtcagt taggtatgga tatcagcacc ttctgaacgg gtacgtctag actggtgggc 60
gtttgaaaaa ctcttcgccc cacgaaaatg aaggagcata atg gga atc aag gtt   115
                                          Met Gly Ile Lys Val
                                            1               5
ggc gtt ctc gga gcc aaa ggc cgt gtt ggt caa act att gtg gca gca   163
Gly Val Leu Gly Ala Lys Gly Arg Val Gly Gln Thr Ile Val Ala Ala
                10                  15                  20

gtc aat gag tcc gac gat ctg gag ctt gtt gca gag atc ggc gtc gac   211
Val Asn Glu Ser Asp Asp Leu Glu Leu Val Ala Glu Ile Gly Val Asp
            25                  30                  35
gat gat ttg agc ctt ctg gta gac aac ggc gct gaa gtt gtc gtt gac   259
Asp Asp Leu Ser Leu Leu Val Asp Asn Gly Ala Glu Val Val Val Asp
        40                  45                  50
ttc acc act cct aac gct gtg atg ggc aac ctg gag ttc tgc atc aac   307
Phe Thr Thr Pro Asn Ala Val Met Gly Asn Leu Glu Phe Cys Ile Asn

    55                  60                  65
aac ggc att tct gcg gtt gtt gga acc acg ggc ttc gat gat gct cgt   355
Asn Gly Ile Ser Ala Val Val Gly Thr Thr Gly Phe Asp Asp Ala Arg
 70                  75                  80                  85
ttg gag cag gtt cgc gac tgg ctt gaa gga aaa gac aat gtc ggt gtt   403
Leu Glu Gln Val Arg Asp Trp Leu Glu Gly Lys Asp Asn Val Gly Val
                90                  95                  100
ctg atc gca cct aac ttt gct atc tct gcg gtg ttg acc atg gtc ttt   451

Leu Ile Ala Pro Asn Phe Ala Ile Ser Ala Val Leu Thr Met Val Phe
            105                 110                 115
tcc aag cag gct gcc cgc ttc ttc gaa tca gct gaa gtt att gag ctg   499
Ser Lys Gln Ala Ala Arg Phe Phe Glu Ser Ala Glu Val Ile Glu Leu
        120                 125                 130
cac cac ccc aac aag ctg gat gca cct tca ggc acc gcg atc cac act   547
His His Pro Asn Lys Leu Asp Ala Pro Ser Gly Thr Ala Ile His Thr
    135                 140                 145

gct cag ggc att gct gcg gca cgc aaa gaa gca ggc atg gac gca cag   595
Ala Gln Gly Ile Ala Ala Ala Arg Lys Glu Ala Gly Met Asp Ala Gln
150                 155                 160                 165
cca gat gcg acc gag cag gca ctt gag ggt tcc cgt ggc gca agc gta   643
Pro Asp Ala Thr Glu Gln Ala Leu Glu Gly Ser Arg Gly Ala Ser Val
                170                 175                 180
```

```
gat gga atc ccg gtt cat gca gtc cgc atg tcc ggc atg gtt gct cac   691
Asp Gly Ile Pro Val His Ala Val Arg Met Ser Gly Met Val Ala His

            185                 190                 195
gag caa gtt atc ttt ggc acc cag ggt cag acc ttg acc atc aag cag   739
Glu Gln Val Ile Phe Gly Thr Gln Gly Gln Thr Leu Thr Ile Lys Gln
        200                 205                 210
gac tcc tat gat cgc aac tca ttt gca cca ggt gtc ttg gtg ggt gtg   787
Asp Ser Tyr Asp Arg Asn Ser Phe Ala Pro Gly Val Leu Val Gly Val
    215                 220                 225
cgc aac att gca cag cac cca ggc cta gtc gta gga ctt gag cat tac   835

Arg Asn Ile Ala Gln His Pro Gly Leu Val Val Gly Leu Glu His Tyr
230                 235                 240                 245
cta ggc ctg taaaggctca tttcagcagc ggg                            867
Leu Gly Leu
<210> 34
<211> 248
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 34
Met Gly Ile Lys Val Gly Val Leu Gly Ala Lys Gly Arg Val Gly Gln
  1               5                  10                  15
Thr Ile Val Ala Ala Val Asn Glu Ser Asp Asp Leu Glu Leu Val Ala
             20                  25                  30

Glu Ile Gly Val Asp Asp Asp Leu Ser Leu Leu Val Asp Asn Gly Ala
         35                  40                  45
Glu Val Val Val Asp Phe Thr Thr Pro Asn Ala Val Met Gly Asn Leu
     50                  55                  60
Glu Phe Cys Ile Asn Asn Gly Ile Ser Ala Val Val Gly Thr Thr Gly
 65                  70                  75                  80
Phe Asp Asp Ala Arg Leu Glu Gln Val Arg Asp Trp Leu Glu Gly Lys
                 85                  90                  95

Asp Asn Val Gly Val Leu Ile Ala Pro Asn Phe Ala Ile Ser Ala Val
            100                 105                 110
Leu Thr Met Val Phe Ser Lys Gln Ala Ala Arg Phe Phe Glu Ser Ala
        115                 120                 125
Glu Val Ile Glu Leu His His Pro Asn Lys Leu Asp Ala Pro Ser Gly
    130                 135                 140
Thr Ala Ile His Thr Ala Gln Gly Ile Ala Ala Ala Arg Lys Glu Ala
145                 150                 155                 160

Gly Met Asp Ala Gln Pro Asp Ala Thr Glu Gln Ala Leu Glu Gly Ser
                165                 170                 175
Arg Gly Ala Ser Val Asp Gly Ile Pro Val His Ala Val Arg Met Ser
            180                 185                 190
Gly Met Val Ala His Glu Gln Val Ile Phe Gly Thr Gln Gly Gln Thr
        195                 200                 205
Leu Thr Ile Lys Gln Asp Ser Tyr Asp Arg Asn Ser Phe Ala Pro Gly
    210                 215                 220

Val Leu Val Gly Val Arg Asn Ile Ala Gln His Pro Gly Leu Val Val
225                 230                 235                 240
Gly Leu Glu His Tyr Leu Gly Leu
                245
```

<210> 35
<211> 873
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(850)
<223> RXA00864
<400> 35

```
acagcaccca ggcctagtcg taggacttga gcattaccta ggcctgtaaa ggctcatttc 60
agcagcgggt ggaatttttt aaaaggagcg tttaaaggct gtg gcc gaa caa gtt   115
                                              Val Ala Glu Gln Val
                                                1               5
aaa ttg agc gtg gag ttg ata gcg tgc agt tct ttt act cca ccc gct   163
Lys Leu Ser Val Glu Leu Ile Ala Cys Ser Ser Phe Thr Pro Pro Ala
                10                  15                  20

gat gtt gag tgg tca act gat gtt gag ggc gcg gaa gca ctc gtc gag   211
Asp Val Glu Trp Ser Thr Asp Val Glu Gly Ala Glu Ala Leu Val Glu
            25                  30                  35
ttt gcg ggt cgt gcc tgc tac gaa act ttt gat aag ccg aac cct cga   259
Phe Ala Gly Arg Ala Cys Tyr Glu Thr Phe Asp Lys Pro Asn Pro Arg
        40                  45                  50
act gct tcc aat gct gcg tat ctg cgc cac atc atg gaa gtg ggg cac   307
Thr Ala Ser Asn Ala Ala Tyr Leu Arg His Ile Met Glu Val Gly His

    55                  60                  65
act gct ttg ctt gag cat gcc aat gcc acg atg tat atc cga ggc att   355
Thr Ala Leu Leu Glu His Ala Asn Ala Thr Met Tyr Ile Arg Gly Ile
 70                  75                  80                  85
tct cgg tcc gcg acc cat gaa ttg gtc cga cac cgc cat ttt tcc ttc   403
Ser Arg Ser Ala Thr His Glu Leu Val Arg His Arg His Phe Ser Phe
                90                  95                  100
tct caa ctg tct cag cgt ttc gtg cac agc gga gaa tcg gaa gta gtg   451

Ser Gln Leu Ser Gln Arg Phe Val His Ser Gly Glu Ser Glu Val Val
            105                 110                 115
gtg ccc act ctc atc gat gaa gat ccg cag ttg cgt gaa ctt ttc atg   499
Val Pro Thr Leu Ile Asp Glu Asp Pro Gln Leu Arg Glu Leu Phe Met
        120                 125                 130
cac gcc atg gat gag tct cgg ttc gct ttc aat gag ctg ctt aat gcg   547
His Ala Met Asp Glu Ser Arg Phe Ala Phe Asn Glu Leu Leu Asn Ala
    135                 140                 145

ctg gaa gaa aaa ctt ggc gat gaa ccg aat gca ctt tta agg aaa aag   595
Leu Glu Glu Lys Leu Gly Asp Glu Pro Asn Ala Leu Leu Arg Lys Lys
150                 155                 160                 165
cag gct cgt caa gca gct cgc gct gtg ctg ccc aac gct aca gag tcc   643
Gln Ala Arg Gln Ala Ala Arg Ala Val Leu Pro Asn Ala Thr Glu Ser
                170                 175                 180
aga atc gtg gtg tct gga aac ttc cgc acc tgg agg cat ttc att ggc   691
Arg Ile Val Val Ser Gly Asn Phe Arg Thr Trp Arg His Phe Ile Gly

            185                 190                 195
atg cga gcc agt gaa cat gca gac gtc gaa atc cgc gaa gta gcg gta   739
Met Arg Ala Ser Glu His Ala Asp Val Glu Ile Arg Glu Val Ala Val
```

```
        200                 205                 210
gaa tgt tta aga aag ctg cag gta gca gcg cca act gtt ttc ggt gat   787
Glu Cys Leu Arg Lys Leu Gln Val Ala Ala Pro Thr Val Phe Gly Asp
    215                 220                 225
ttt gag att gaa act ttg gca gac gga tcg caa atg gca aca agc ccg   835

Phe Glu Ile Glu Thr Leu Ala Asp Gly Ser Gln Met Ala Thr Ser Pro
230                 235                 240                 245
tat gtc atg gac ttt taacgcaaag ctcacaccca cga                     873
Tyr Val Met Asp Phe
                250
<210> 36
<211> 250
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 36
Val Ala Glu Gln Val Lys Leu Ser Val Glu Leu Ile Ala Cys Ser Ser
  1               5                  10                  15
Phe Thr Pro Pro Ala Asp Val Glu Trp Ser Thr Asp Val Glu Gly Ala

             20                  25                  30
Glu Ala Leu Val Glu Phe Ala Gly Arg Ala Cys Tyr Glu Thr Phe Asp
         35                  40                  45
Lys Pro Asn Pro Arg Thr Ala Ser Asn Ala Ala Tyr Leu Arg His Ile
     50                  55                  60
Met Glu Val Gly His Thr Ala Leu Leu Glu His Ala Asn Ala Thr Met
 65                  70                  75                  80
Tyr Ile Arg Gly Ile Ser Arg Ser Ala Thr His Glu Leu Val Arg His

                 85                  90                  95
Arg His Phe Ser Phe Ser Gln Leu Ser Gln Arg Phe Val His Ser Gly
            100                 105                 110
Glu Ser Glu Val Val Val Pro Thr Leu Ile Asp Glu Asp Pro Gln Leu
        115                 120                 125
Arg Glu Leu Phe Met His Ala Met Asp Glu Ser Arg Phe Ala Phe Asn
    130                 135                 140
Glu Leu Leu Asn Ala Leu Glu Glu Lys Leu Gly Asp Glu Pro Asn Ala

145                 150                 155                 160
Leu Leu Arg Lys Lys Gln Ala Arg Gln Ala Ala Arg Ala Val Leu Pro
                165                 170                 175
Asn Ala Thr Glu Ser Arg Ile Val Val Ser Gly Asn Phe Arg Thr Trp
            180                 185                 190
Arg His Phe Ile Gly Met Arg Ala Ser Glu His Ala Asp Val Glu Ile
        195                 200                 205
Arg Glu Val Ala Val Glu Cys Leu Arg Lys Leu Gln Val Ala Ala Pro

    210                 215                 220
Thr Val Phe Gly Asp Phe Glu Ile Glu Thr Leu Ala Asp Gly Ser Gln
225                 230                 235                 240
Met Ala Thr Ser Pro Tyr Val Met Asp Phe
                245                 250
<210> 37
<211> 608
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
```

<220>

<221> CDS
<222> (69)..(608)
<223> RXA02843
<400> 37
cccattgcgc ggaggtcgca ccccttccga cttgaactga taggccgata gaaattattc 60
tggacgtc atg act act gct tcc gca acc gga att gca aca ctg acc tcc 110
Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser
1 5 10
acc ggc gac gtc ctg gac gtg tgg tat cca gaa atc ggg tcc acc gac 158
Thr Gly Asp Val Leu Asp Val Trp Tyr Pro Glu Ile Gly Ser Thr Asp
15 20 25 30

cag tcc gcg ctc aca cct cta gaa ggc gtc gat gaa gat cga aac gtc 206
Gln Ser Ala Leu Thr Pro Leu Glu Gly Val Asp Glu Asp Arg Asn Val
35 40 45
acc cgc aaa atc gtg acg aca act atc gac acc gac gca gcc ccc acc 254
Thr Arg Lys Ile Val Thr Thr Thr Ile Asp Thr Asp Ala Ala Pro Thr
50 55 60
gac acc tac gat gca tgg ctg cgc ctt cac ctc ctc tcc cac cgc gtt 302
Asp Thr Tyr Asp Ala Trp Leu Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Val

65 70 75
ttc cgc cct cac acc atc aac cta gac ggc att ttc ggc ctc ctc aac 350
Phe Arg Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn
80 85 90
aat gtc gtg tgg acc aac ttc gga ccg tgc gca gtt gac ggt ttc gca 398
Asn Val Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala
95 100 105 110
ctc acc cgc gcg cgc ctg tca cgc cga ggc caa gtt acg gtt tat agc 446

Leu Thr Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser
115 120 125
gtc gac aag ttc cca cgc atg gtc gac tat gtg gtt ccc tcg ggc gtg 494
Val Asp Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val
130 135 140
cgc atc ggt gac gcc gac cgc gtc cga ctt ggc gcg tac ctg gca gat 542
Arg Ile Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp
145 150 155

ggc acc acc gtg atg cat gag ggc ttc gtg aac ttc aac gct ggc acg 590
Gly Thr Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr
160 165 170
ctc ggc gct tcc atg gtt 608
Leu Gly Ala Ser Met Val
175 180
<210> 38
<211> 180
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 38
Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Thr Gly
1 5 10 15

Asp Val Leu Asp Val Trp Tyr Pro Glu Ile Gly Ser Thr Asp Gln Ser
20 25 30

```
Ala Leu Thr Pro Leu Glu Gly Val Asp Glu Asp Arg Asn Val Thr Arg
         35                  40                  45
Lys Ile Val Thr Thr Thr Ile Asp Thr Asp Ala Ala Pro Thr Asp Thr
     50                  55                  60
Tyr Asp Ala Trp Leu Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Val Phe Arg
 65                  70                  75                  80

Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn Asn Val
                 85                  90                  95
Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala Leu Thr
            100                 105                 110
Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser Val Asp
        115                 120                 125
Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val Arg Ile
    130                 135                 140

Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp Gly Thr
145                 150                 155                 160
Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr Leu Gly
                165                 170                 175
Ala Ser Met Val
            180
<210> 39
<211> 1143
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1120)
<223> RXN00355
<400> 39
aatagatcag cgcatccgtg gtggaaccaa aaggctcaac aatacgaaac gttcgctttc 60
ggtcctgatg aaagagatgt ccctgaatca tcatctaagt atg cat ctc ggt aag   115
                                              Met His Leu Gly Lys
                                                1               5
ctc gac cag gac agt gcc acc aca att ttg gag gat tac aag aac atg   163
Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu Asp Tyr Lys Asn Met
                10                  15                  20

acc aac atc cgc gta gct atc gtg ggc tac gga aac ctg gga cgc agc   211
Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Asn Leu Gly Arg Ser
            25                  30                  35
gtc gaa aag ctt att gcc aag cag ccc gac atg gac ctt gta gga atc   259
Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met Asp Leu Val Gly Ile
        40                  45                  50
ttc tcg cgc cgg gcc acc ctc gac aca aag acg cca gtc ttt gat gtc   307
Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr Pro Val Phe Asp Val

    55                  60                  65
gcc gac gtg gac aag cac gcc gac gac gtg gac gtg ctg ttc ctg tgc   355
Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp Val Leu Phe Leu Cys
 70                  75                  80                  85
atg ggc tcc gcc acc gac atc cct gag cag gca cca aag ttc gcg cag   403
Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala Pro Lys Phe Ala Gln
                90                  95                 100
```

```
ttc gcc tgc acc gta gac acc tac gac aac cac cgc gac atc cca cgc   451

Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His Arg Asp Ile Pro Arg
            105                 110                 115
cac cgc cag gtc atg aac gaa gcc gcc acc gca gcc ggc aac gtt gca   499
His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala Ala Gly Asn Val Ala
        120                 125                 130
ctg gtc tct acc ggc tgg gat cca gga atg ttc tcc atc aac cgc gtc   547
Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe Ser Ile Asn Arg Val
    135                 140                 145

tac gca gcg gca gtc tta gcc gag cac cag cag cac acc ttc tgg ggc   595
Tyr Ala Ala Ala Val Leu Ala Glu His Gln Gln His Thr Phe Trp Gly
150                 155                 160                 165
cca ggt ttg tca cag ggc cac tcc gat gct ttg cga cgc atc cct ggc   643
Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu Arg Arg Ile Pro Gly
                170                 175                 180
gtt caa aag gca gtc cag tac acc ctc cca tcc gaa gac gcc ctg gaa   691
Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser Glu Asp Ala Leu Glu

            185                 190                 195
aag gcc cgc cgc ggc gaa gcc ggc gac ctt acc gga aag caa acc cac   739
Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr Gly Lys Gln Thr His
        200                 205                 210
aag cgc caa tgc ttc gtg gtt gcc gac gcg gcc gat cac gag cgc atc   787
Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala Asp His Glu Arg Ile
    215                 220                 225
gaa aac gac atc cgc acc atg cct gat tac ttc gtt ggc tac gaa gtc   835

Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe Val Gly Tyr Glu Val
230                 235                 240                 245
gaa gtc aac ttc atc gac gaa gca acc ttc gac tcc gag cac acc ggc   883
Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp Ser Glu His Thr Gly
                250                 255                 260
atg cca cac ggt ggc cac gtg att acc acc ggc gac acc ggt ggc ttc   931
Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly Asp Thr Gly Gly Phe
            265                 270                 275

aac cac acc gtg gaa tac atc ctc aag ctg gac cga aac cca gat ttc   979
Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys Leu Asp Arg Asn Pro Asp Phe
        280                 285                 290
acc gct tcc tca cag atc gct ttc ggt cgc gca gct cac cgc atg aag   1027
Thr Ala Ser Ser Gln Ile Ala Phe Gly Arg Ala Ala His Arg Met Lys
    295                 300                 305
cag cag ggc caa agc gga gct ttc acc gtc ctc gaa gtt gct cca tac   1075
Gln Gln Gly Gln Ser Gly Ala Phe Thr Val Leu Glu Val Ala Pro Tyr

310                 315                 320                 325
ctg ctc tcc cca gag aac ttg gac gat ctg atc gca cgc gac gtc       1120
Leu Leu Ser Pro Glu Asn Leu Asp Asp Leu Ile Ala Arg Asp Val
                330                 335                 340
taatttagct cgaggggcaa gga                                        1143
<210> 40
<211> 340
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 40
```

```
Met His Leu Gly Lys Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu
  1               5                  10                  15

Asp Tyr Lys Asn Met Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly
            20                  25                  30
Asn Leu Gly Arg Ser Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met
         35                  40                  45
Asp Leu Val Gly Ile Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr
     50                  55                  60
Pro Val Phe Asp Val Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp
 65                  70                  75                  80

Val Leu Phe Leu Cys Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala
                85                  90                  95
Pro Lys Phe Ala Gln Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His
            100                 105                 110
Arg Asp Ile Pro Arg His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala
        115                 120                 125
Ala Gly Asn Val Ala Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe
    130                 135                 140

Ser Ile Asn Arg Val Tyr Ala Ala Ala Val Leu Ala Glu His Gln Gln
145                 150                 155                 160
His Thr Phe Trp Gly Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu
                165                 170                 175
Arg Arg Ile Pro Gly Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser
            180                 185                 190
Glu Asp Ala Leu Glu Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr
        195                 200                 205

Gly Lys Gln Thr His Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala
    210                 215                 220
Asp His Glu Arg Ile Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe
225                 230                 235                 240
Val Gly Tyr Glu Val Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp
                245                 250                 255
Ser Glu His Thr Gly Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly
            260                 265                 270

Asp Thr Gly Gly Phe Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys Leu Asp
        275                 280                 285
Arg Asn Pro Asp Phe Thr Ala Ser Ser Gln Ile Ala Phe Gly Arg Ala
    290                 295                 300
Ala His Arg Met Lys Gln Gln Gly Gln Ser Gly Ala Phe Thr Val Leu
305                 310                 315                 320
Glu Val Ala Pro Tyr Leu Leu Ser Pro Glu Asn Leu Asp Asp Leu Ile
                325                 330                 335

Ala Arg Asp Val
            340
<210> 41
<211> 958
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
```

<222> (101)..(958)
<223> FRXA00352
<400> 41
aatagatcag cgcatccgtg gtggaaccaa aaggctcaac aatacgaaac gttcgctttc 60
ggtcctgatg aaagagatgt ccctgaatca tcatctaagt atg cat ctc ggt aag 115
Met His Leu Gly Lys
1 5
ctc gac cag gac agt gcc acc aca att ttg gag gat tac aag aac atg 163
Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu Asp Tyr Lys Asn Met
10 15 20

acc aac atc cgc gta gct atc gtg ggc tac gga aac ctg gga cgc agc 211
Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Asn Leu Gly Arg Ser
25 30 35
gtc gaa aag ctt att gcc aag cag ccc gac atg gac ctt gta gga atc 259
Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met Asp Leu Val Gly Ile
40 45 50
ttc tcg cgc cgg gcc acc ctc gac aca aag acg cca gtc ttt gat gtc 307
Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr Pro Val Phe Asp Val

55 60 65
gcc gac gtg gac aag cac gcc gac gac gtg gac gtg ctg ttc ctg tgc 355
Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp Val Leu Phe Leu Cys
70 75 80 85
atg ggc tcc gcc acc gac atc cct gag cag gca cca aag ttc gcg cag 403
Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala Pro Lys Phe Ala Gln
90 95 100
ttc gcc tgc acc gta gac acc tac gac aac cac cgc gac atc cca cgc 451

Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His Arg Asp Ile Pro Arg
105 110 115
cac cgc cag gtc atg aac gaa gcc gcc acc gca gcc ggc aac gtt gca 499
His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala Ala Gly Asn Val Ala
120 125 130
ctg gtc tct acc ggc tgg gat cca gga atg ttc tcc atc aac cgc gtc 547
Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe Ser Ile Asn Arg Val
135 140 145

tac gca gcg gca gtc tta gcc gag cac cag cag cac acc ttc tgg ggc 595
Tyr Ala Ala Ala Val Leu Ala Glu His Gln Gln His Thr Phe Trp Gly
150 155 160 165
cca ggt ttg tca cag ggc cac tcc gat gct ttg cga cgc atc cct ggc 643
Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu Arg Arg Ile Pro Gly
170 175 180
gtt caa aag gca gtc cag tac acc ctc cca tcc gaa gac gcc ctg gaa 691
Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser Glu Asp Ala Leu Glu

185 190 195
aag gcc cgc cgc ggc gaa gcc ggc gac ctt acc gga aag caa acc cac 739
Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr Gly Lys Gln Thr His
200 205 210
aag cgc caa tgc ttc gtg gtt gcc gac gcg gcc gat cac gag cgc atc 787
Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala Asp His Glu Arg Ile
215 220 225
gaa aac gac atc cgc acc atg cct gat tac ttc gtt ggc tac gaa gtc 835

Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe Val Gly Tyr Glu Val

```
230                 235                 240                 245
gaa gtc aac ttc atc gac gaa gca acc ttc gac tcc gag cac acc ggc   883
Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp Ser Glu His Thr Gly
                250                 255                 260
atg cca cac ggt ggc cac gtg att acc acc ggc gac acc ggt ggc ttc   931
Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly Asp Thr Gly Gly Phe
            265                 270                 275

aac cac acc gtg gaa tac atc ctc aag                               958
Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys
        280                 285
<210> 42
<211> 286
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 42
Met His Leu Gly Lys Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu
  1               5                  10                  15
Asp Tyr Lys Asn Met Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly
             20                  25                  30
Asn Leu Gly Arg Ser Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met

         35                  40                  45
Asp Leu Val Gly Ile Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr
     50                  55                  60
Pro Val Phe Asp Val Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp
 65                  70                  75                  80
Val Leu Phe Leu Cys Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala
                 85                  90                  95
Pro Lys Phe Ala Gln Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His

            100                 105                 110
Arg Asp Ile Pro Arg His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala
        115                 120                 125
Ala Gly Asn Val Ala Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe
    130                 135                 140
Ser Ile Asn Arg Val Tyr Ala Ala Ala Val Leu Ala Glu His Gln Gln
145                 150                 155                 160
His Thr Phe Trp Gly Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu

                165                 170                 175
Arg Arg Ile Pro Gly Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser
            180                 185                 190
Glu Asp Ala Leu Glu Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr
        195                 200                 205
Gly Lys Gln Thr His Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala
    210                 215                 220
Asp His Glu Arg Ile Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe

225                 230                 235                 240
Val Gly Tyr Glu Val Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp
                245                 250                 255
Ser Glu His Thr Gly Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly
            260                 265                 270
Asp Thr Gly Gly Phe Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys
        275                 280                 285
<210> 43
```

<211> 1400
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1377)
<223> RXA00972
<400> 43

```
cct gca cct ggt tgg cgt ttc cgc acc gga gaa gat gta aca atg gct   48
Pro Ala Pro Gly Trp Arg Phe Arg Thr Gly Glu Asp Val Thr Met Ala
  1               5                  10                  15
aca gtt gaa aat ttc aat gaa ctt ccc gca cac gta tgg cca cgc aat   96
Thr Val Glu Asn Phe Asn Glu Leu Pro Ala His Val Trp Pro Arg Asn
            20                  25                  30
gcc gtg cgc caa gaa gac ggc gtt gtc acc gtc gct ggt gtg cct ctg   144

Ala Val Arg Gln Glu Asp Gly Val Val Thr Val Ala Gly Val Pro Leu
         35                  40                  45
cct gac ctc gct gaa gaa tac gga acc cca ctg ttc gta gtc gac gag   192
Pro Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Thr Pro Leu Phe Val Val Asp Glu
     50                  55                  60
gac gat ttc cgt tcc cgc tgt cgc gac atg gct acc gca ttc ggt gga   240
Asp Asp Phe Arg Ser Arg Cys Arg Asp Met Ala Thr Ala Phe Gly Gly
 65                  70                  75                  80

cca ggc aat gtg cac tac gca tct aaa gcg ttc ctg acc aag acc att   288
Pro Gly Asn Val His Tyr Ala Ser Lys Ala Phe Leu Thr Lys Thr Ile
                85                  90                  95
gca cgt tgg gtt gat gaa gag ggg ctg gca ctg gac att gca tcc atc   336
Ala Arg Trp Val Asp Glu Glu Gly Leu Ala Leu Asp Ile Ala Ser Ile
            100                 105                 110
aac gaa ctg ggc att gcc ctg gcc gct ggt ttc ccc gcc agc cgt atc   384
Asn Glu Leu Gly Ile Ala Leu Ala Ala Gly Phe Pro Ala Ser Arg Ile

        115                 120                 125
acc gcg cac ggc aac aac aaa ggc gta gag ttc ctg cgc gcg ttg gtt   432
Thr Ala His Gly Asn Asn Lys Gly Val Glu Phe Leu Arg Ala Leu Val
    130                 135                 140
caa aac ggt gtg gga cac gtg gtg ctg gac tcc gca cag gaa cta gaa   480
Gln Asn Gly Val Gly His Val Val Leu Asp Ser Ala Gln Glu Leu Glu
145                 150                 155                 160
ctg ttg gat tac gtt gcc gct ggt gaa ggc aag att cag gac gtg ttg   528

Leu Leu Asp Tyr Val Ala Ala Gly Glu Gly Lys Ile Gln Asp Val Leu
                165                 170                 175
atc cgc gta aag cca ggc atc gaa gca cac acc cac gag ttc atc gcc   576
Ile Arg Val Lys Pro Gly Ile Glu Ala His Thr His Glu Phe Ile Ala
            180                 185                 190
act agc cac gaa gac cag aag ttc gga ttc tcc ctg gca tcc ggt tcc   624
Thr Ser His Glu Asp Gln Lys Phe Gly Phe Ser Leu Ala Ser Gly Ser
        195                 200                 205

gca ttc gaa gca gca aaa gcc gcc aac aac gca gaa aac ctg aac ctg   672
Ala Phe Glu Ala Ala Lys Ala Ala Asn Asn Ala Glu Asn Leu Asn Leu
    210                 215                 220
gtt ggc ctg cac tgc cac gtt ggt tcc cag gtg ttc gac gcc gaa ggc   720
```

```
Val Gly Leu His Cys His Val Gly Ser Gln Val Phe Asp Ala Glu Gly
225                 230                 235                 240
ttc aag ctg gca gca gaa cgc gtg ttg ggc ctg tac tca cag atc cac   768
Phe Lys Leu Ala Ala Glu Arg Val Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile His

                245                 250                 255
agc gaa ctg ggc gtt gcc ctt cct gaa ctg gat ctc ggt ggc gga tac   816
Ser Glu Leu Gly Val Ala Leu Pro Glu Leu Asp Leu Gly Gly Gly Tyr
            260                 265                 270
ggc att gcc tat acc gca gct gaa gaa cca ctc aac gtc gca gaa gtt   864
Gly Ile Ala Tyr Thr Ala Ala Glu Glu Pro Leu Asn Val Ala Glu Val
        275                 280                 285
gcc tcc gac ctg ctc acc gca gtc gga aaa atg gca gcg gaa cta ggc   912

Ala Ser Asp Leu Leu Thr Ala Val Gly Lys Met Ala Ala Glu Leu Gly
    290                 295                 300
atc gac gca cca acc gtg ctt gtt gag ccc ggc cgc gct atc gca ggc   960
Ile Asp Ala Pro Thr Val Leu Val Glu Pro Gly Arg Ala Ile Ala Gly
305                 310                 315                 320
ccc tcc acc gtg acc atc tac gaa gtc ggc acc acc aaa gac gtc cac   1008
Pro Ser Thr Val Thr Ile Tyr Glu Val Gly Thr Thr Lys Asp Val His
                325                 330                 335

gta gac gac gac aaa acc cgc cgt tac atc gcc gtg gac gga ggc atg   1056
Val Asp Asp Asp Lys Thr Arg Arg Tyr Ile Ala Val Asp Gly Gly Met
            340                 345                 350
tcc gac aac atc cgc cca gca ctc tac ggg tcc gaa tac gac gcc cgc   1104
Ser Asp Asn Ile Arg Pro Ala Leu Tyr Gly Ser Glu Tyr Asp Ala Arg
        355                 360                 365
gta gta tcc cgc ttc gcc gaa gga gac cca gta agc acc cgc atc gtg   1152
Val Val Ser Arg Phe Ala Glu Gly Asp Pro Val Ser Thr Arg Ile Val

    370                 375                 380
ggc tcc cac tgc gaa tcc ggc gat atc ctg atc aac gat gaa atc tac   1200
Gly Ser His Cys Glu Ser Gly Asp Ile Leu Ile Asn Asp Glu Ile Tyr
385                 390                 395                 400
cca tct gac atc acc agc ggc gac ttc ctt gca ctc gca gcc acc ggc   1248
Pro Ser Asp Ile Thr Ser Gly Asp Phe Leu Ala Leu Ala Ala Thr Gly
                405                 410                 415
gca tac tgc tac gcc atg agc tcc cgc tac aac gcc ttc aca cgg ccc   1296

Ala Tyr Cys Tyr Ala Met Ser Ser Arg Tyr Asn Ala Phe Thr Arg Pro
            420                 425                 430
gcc gtc gtg tcc gtc cgc gct ggc agc tcc cgc ctc atg ctg cgc cgc   1344
Ala Val Val Ser Val Arg Ala Gly Ser Ser Arg Leu Met Leu Arg Arg
        435                 440                 445
gaa acg ctc gac gac atc ctc tca cta gag gca taacgctttt cgacgcctga 1397
Glu Thr Leu Asp Asp Ile Leu Ser Leu Glu Ala
    450                 455
ccc                                                               1400

<210> 44
<211> 459
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 44
Pro Ala Pro Gly Trp Arg Phe Arg Thr Gly Glu Asp Val Thr Met Ala
```

```
  1               5                  10                  15
Thr Val Glu Asn Phe Asn Glu Leu Pro Ala His Val Trp Pro Arg Asn
             20                  25                  30
Ala Val Arg Gln Glu Asp Gly Val Val Thr Val Ala Gly Val Pro Leu
         35                  40                  45
Pro Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Thr Pro Leu Phe Val Val Asp Glu

     50                  55                  60
Asp Asp Phe Arg Ser Arg Cys Arg Asp Met Ala Thr Ala Phe Gly Gly
 65                  70                  75                  80
Pro Gly Asn Val His Tyr Ala Ser Lys Ala Phe Leu Thr Lys Thr Ile
                 85                  90                  95
Ala Arg Trp Val Asp Glu Glu Gly Leu Ala Leu Asp Ile Ala Ser Ile
            100                 105                 110
Asn Glu Leu Gly Ile Ala Leu Ala Ala Gly Phe Pro Ala Ser Arg Ile

        115                 120                 125
Thr Ala His Gly Asn Asn Lys Gly Val Glu Phe Leu Arg Ala Leu Val
    130                 135                 140
Gln Asn Gly Val Gly His Val Val Leu Asp Ser Ala Gln Glu Leu Glu
145                 150                 155                 160
Leu Leu Asp Tyr Val Ala Ala Gly Glu Gly Lys Ile Gln Asp Val Leu
                165                 170                 175
Ile Arg Val Lys Pro Gly Ile Glu Ala His Thr His Glu Phe Ile Ala

            180                 185                 190
Thr Ser His Glu Asp Gln Lys Phe Gly Phe Ser Leu Ala Ser Gly Ser
        195                 200                 205
Ala Phe Glu Ala Ala Lys Ala Ala Asn Asn Ala Glu Asn Leu Asn Leu
    210                 215                 220
Val Gly Leu His Cys His Val Gly Ser Gln Val Phe Asp Ala Glu Gly
225                 230                 235                 240
Phe Lys Leu Ala Ala Glu Arg Val Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile His

                245                 250                 255
Ser Glu Leu Gly Val Ala Leu Pro Glu Leu Asp Leu Gly Gly Gly Tyr
            260                 265                 270
Gly Ile Ala Tyr Thr Ala Ala Glu Glu Pro Leu Asn Val Ala Glu Val
        275                 280                 285
Ala Ser Asp Leu Leu Thr Ala Val Gly Lys Met Ala Ala Glu Leu Gly
    290                 295                 300
Ile Asp Ala Pro Thr Val Leu Val Glu Pro Gly Arg Ala Ile Ala Gly

305                 310                 315                 320
Pro Ser Thr Val Thr Ile Tyr Glu Val Gly Thr Thr Lys Asp Val His
                325                 330                 335
Val Asp Asp Asp Lys Thr Arg Arg Tyr Ile Ala Val Asp Gly Gly Met
            340                 345                 350
Ser Asp Asn Ile Arg Pro Ala Leu Tyr Gly Ser Glu Tyr Asp Ala Arg
        355                 360                 365
Val Val Ser Arg Phe Ala Glu Gly Asp Pro Val Ser Thr Arg Ile Val

    370                 375                 380
Gly Ser His Cys Glu Ser Gly Asp Ile Leu Ile Asn Asp Glu Ile Tyr
385                 390                 395                 400
Pro Ser Asp Ile Thr Ser Gly Asp Phe Leu Ala Leu Ala Ala Thr Gly
                405                 410                 415
```

```
Ala Tyr Cys Tyr Ala Met Ser Ser Arg Tyr Asn Ala Phe Thr Arg Pro
            420                 425                 430
Ala Val Val Ser Val Arg Ala Gly Ser Ser Arg Leu Met Leu Arg Arg

        435                 440                 445
Glu Thr Leu Asp Asp Ile Leu Ser Leu Glu Ala
    450                 455
<210> 45
<211> 2121
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(2098)
<223> RXA02653
<400> 45
agacagagtg ttagtgcgtg gggcagctct cactttcatc gacatcactc gagtatgctc 60
accggccgta ttcattccaa taacccgcac agggaaacta atg ata ccg aag ccc   115
                                          Met Ile Pro Lys Pro
                                            1               5
gac gtg acc gac tta tat tta gag gac ctc tta aat gag ggt tcg gaa   163
Asp Val Thr Asp Leu Tyr Leu Glu Asp Leu Leu Asn Glu Gly Ser Glu
                10                  15                  20

aag att cgg tcc gcc aag gat ctt tcc gaa ctt agg aca gtt cta aaa   211
Lys Ile Arg Ser Ala Lys Asp Leu Ser Glu Leu Arg Thr Val Leu Lys
            25                  30                  35
gag gtt tcc tcc caa att cag gaa cga gct ggg aaa aaa gat gaa gaa   259
Glu Val Ser Ser Gln Ile Gln Glu Arg Ala Gly Lys Lys Asp Glu Glu
        40                  45                  50
tgg gga atg ggg gcc act tgg cgg gag ctg tac ccc agc atc gtg gaa   307
Trp Gly Met Gly Ala Thr Trp Arg Glu Leu Tyr Pro Ser Ile Val Glu

    55                  60                  65
cgc gct tcc tac gaa ggg cgt gac agc cta atc gga ttt gat cac tta   355
Arg Ala Ser Tyr Glu Gly Arg Asp Ser Leu Ile Gly Phe Asp His Leu
70                  75                  80                  85
gcc cgg gaa atg gaa aga tta gcc ttc ggc cca cca tcc gaa agt ttt   403
Ala Arg Glu Met Glu Arg Leu Ala Phe Gly Pro Pro Ser Glu Ser Phe
                90                  95                  100
gaa tac ctc caa gaa ctc gta aaa tcc gga gtg gta gac atc act cac   451

Glu Tyr Leu Gln Glu Leu Val Lys Ser Gly Val Val Asp Ile Thr His
            105                 110                 115
ctg cat cgt ggc cgg gaa cca ctg aca gat tta gtt cgt gaa ctt gaa   499
Leu His Arg Gly Arg Glu Pro Leu Thr Asp Leu Val Arg Glu Leu Glu
        120                 125                 130
ata act gtg gtg ata gac gct gtt ctt ccc ccg ccg gga gta gtg cca   547
Ile Thr Val Val Ile Asp Ala Val Leu Pro Pro Pro Gly Val Val Pro
    135                 140                 145

ggc aca ttg gtg cac aat ttg gta aaa gag gga tat gcc aga atg cgt   595
Gly Thr Leu Val His Asn Leu Val Lys Glu Gly Tyr Ala Arg Met Arg
150                 155                 160                 165
cct ggg act cgg ggg tta gat gta gcg gct gac ggc acc gtt caa ggg   643
Pro Gly Thr Arg Gly Leu Asp Val Ala Ala Asp Gly Thr Val Gln Gly
```

```
                170                 175                 180
caa cga cat ttg gct gca gtc gga cgg atg acg gaa gat gtg gtt ttg   691
Gln Arg His Leu Ala Ala Val Gly Arg Met Thr Glu Asp Val Val Leu

            185                 190                 195
ggt aat gac aca ttg tcg cga tca tta cat gac ata atc ccg aag tgg   739
Gly Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Leu His Asp Ile Ile Pro Lys Trp
        200                 205                 210
gct cgt cga gtt atc cgc gac gcg agc acg tat ccc gat agg gta cat   787
Ala Arg Arg Val Ile Arg Asp Ala Ser Thr Tyr Pro Asp Arg Val His
    215                 220                 225
ggt act cca ccg ctt ccg gca cgg ttg gaa ccc tgg gcg gaa aag ctc   835

Gly Thr Pro Pro Leu Pro Ala Arg Leu Glu Pro Trp Ala Glu Lys Leu
230                 235                 240                 245
act tca gat ccg gcc aca tgc cgc cac ctg att gaa gaa ttc ggg agt   883
Thr Ser Asp Pro Ala Thr Cys Arg His Leu Ile Glu Glu Phe Gly Ser
                250                 255                 260
cct gtg aat gta ctc cat tca ggt tct atg cct cgt aat ata aat gag   931
Pro Val Asn Val Leu His Ser Gly Ser Met Pro Arg Asn Ile Asn Glu
            265                 270                 275

ttg gtt gac gcc ggc att cag atg ggg gtg gat act cga ata ttt ttt   979
Leu Val Asp Ala Gly Ile Gln Met Gly Val Asp Thr Arg Ile Phe Phe
        280                 285                 290
gcc cgc aaa gcg aat aag ggt ctt acc ttc gtt gat gcc gtt aaa gac   1027
Ala Arg Lys Ala Asn Lys Gly Leu Thr Phe Val Asp Ala Val Lys Asp
    295                 300                 305
acc ggt cat ggt gta gat gta gcc agt gaa cga gag tta tct cag gtg   1075
Thr Gly His Gly Val Asp Val Ala Ser Glu Arg Glu Leu Ser Gln Val

310                 315                 320                 325
ctt aat cgt gga gtc cca gga gag cgg atc att cta tcc gca gct atc   1123
Leu Asn Arg Gly Val Pro Gly Glu Arg Ile Ile Leu Ser Ala Ala Ile
                330                 335                 340
aaa ccg gac aga cta ttg gca tta gcg atc gaa aat ggc gtg atc atc   1171
Lys Pro Asp Arg Leu Leu Ala Leu Ala Ile Glu Asn Gly Val Ile Ile
            345                 350                 355
tct gtg gat tcg cgt gat gaa tta gat cgc att tcg gct ttg gtt ggt   1219

Ser Val Asp Ser Arg Asp Glu Leu Asp Arg Ile Ser Ala Leu Val Gly
        360                 365                 370
gac cgc gtt gca cga gtt gcg cct aga gta gct cca gat cct gca gtc   1267
Asp Arg Val Ala Arg Val Ala Pro Arg Val Ala Pro Asp Pro Ala Val
    375                 380                 385
tta cct cca act aga ttt ggt gag cgt gct gca gac tgg ggt aat cgg   1315
Leu Pro Pro Thr Arg Phe Gly Glu Arg Ala Ala Asp Trp Gly Asn Arg
390                 395                 400                 405

ctt acc gag gtg ata ccc ggc gtg gat att gtg ggt ctt cac gtt cac   1363
Leu Thr Glu Val Ile Pro Gly Val Asp Ile Val Gly Leu His Val His
                410                 415                 420
ctc cat ggc tat gct gca aaa gac cgt gct ctg gct ctg cag gaa tgt   1411
Leu His Gly Tyr Ala Ala Lys Asp Arg Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys
            425                 430                 435
tgc caa ctc gtc gat tct ctc aga gaa tgc ggg cat tcc cca cag ttt   1459
```

```
Cys Gln Leu Val Asp Ser Leu Arg Glu Cys Gly His Ser Pro Gln Phe

        440                 445                 450
att gac ctt gga gga ggg gtg cct atg agc tac att gaa tct gag gaa   1507
Ile Asp Leu Gly Gly Gly Val Pro Met Ser Tyr Ile Glu Ser Glu Glu
    455                 460                 465
gat tgg atc cgt tat caa tcc gct aaa tct gcg act tca gcc ggg tat   1555
Asp Trp Ile Arg Tyr Gln Ser Ala Lys Ser Ala Thr Ser Ala Gly Tyr
470                 475                 480                 485
gcc gaa tcc ttt acg tgg aaa gac gat ccg tta tct aat acg tac ccg   1603

Ala Glu Ser Phe Thr Trp Lys Asp Asp Pro Leu Ser Asn Thr Tyr Pro
                490                 495                 500
ttc tat cag acc cca gtg cgc ggt aat tgg ttg aaa gac gtg ctt tct   1651
Phe Tyr Gln Thr Pro Val Arg Gly Asn Trp Leu Lys Asp Val Leu Ser
            505                 510                 515
aag ggg gta gct cag atg ctc att gac cgg gga ttg cgg tta cac ata   1699
Lys Gly Val Ala Gln Met Leu Ile Asp Arg Gly Leu Arg Leu His Ile
        520                 525                 530

gag cct ggt cga agt tta cta gat ggg tgt ggc gtc act ctt gcc gaa   1747
Glu Pro Gly Arg Ser Leu Leu Asp Gly Cys Gly Val Thr Leu Ala Glu
    535                 540                 545
gtt gct ttt gtg aaa acc cga agt gac ggg ttg cct cta gtg gga ctg   1795
Val Ala Phe Val Lys Thr Arg Ser Asp Gly Leu Pro Leu Val Gly Leu
550                 555                 560                 565
gct atg aac cga acg cag tgc cgg act aca tcc gat gat ttt ctc att   1843
Ala Met Asn Arg Thr Gln Cys Arg Thr Thr Ser Asp Asp Phe Leu Ile

                570                 575                 580
gat ccc ctg cat atc act gac ggt gat gta ggc gag gaa atc gaa gca   1891
Asp Pro Leu His Ile Thr Asp Gly Asp Val Gly Glu Glu Ile Glu Ala
            585                 590                 595
tat cta gtg ggt gcc tac tgc atc gaa gat gag ctg att tta cgc cgg   1939
Tyr Leu Val Gly Ala Tyr Cys Ile Glu Asp Glu Leu Ile Leu Arg Arg
        600                 605                 610
cga atc cgc ttc ccg aga gga gtc aaa cca gga gat atc atc gga att   1987

Arg Ile Arg Phe Pro Arg Gly Val Lys Pro Gly Asp Ile Ile Gly Ile
    615                 620                 625
cct aac acc gca gga tac ttc atg cat atc ttg gaa agt gca tcg cac   2035
Pro Asn Thr Ala Gly Tyr Phe Met His Ile Leu Glu Ser Ala Ser His
630                 635                 640                 645
caa atc ccg ttg gcg aaa aat gta gtg tgg ccg gag ggg cag tta gac   2083
Gln Ile Pro Leu Ala Lys Asn Val Val Trp Pro Glu Gly Gln Leu Asp
                650                 655                 660

gat atc gat gcg gat taagacataa ccattcgcta atc                    2121
Asp Ile Asp Ala Asp
            665
<210> 46
<211> 666
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 46
Met Ile Pro Lys Pro Asp Val Thr Asp Leu Tyr Leu Glu Asp Leu Leu
  1               5                  10                  15
```

```
Asn Glu Gly Ser Glu Lys Ile Arg Ser Ala Lys Asp Leu Ser Glu Leu
            20                  25                  30
Arg Thr Val Leu Lys Glu Val Ser Ser Gln Ile Gln Glu Arg Ala Gly

        35                  40                  45
Lys Lys Asp Glu Glu Trp Gly Met Gly Ala Thr Trp Arg Glu Leu Tyr
    50                  55                  60
Pro Ser Ile Val Glu Arg Ala Ser Tyr Glu Gly Arg Asp Ser Leu Ile
65                  70                  75                  80
Gly Phe Asp His Leu Ala Arg Glu Met Glu Arg Leu Ala Phe Gly Pro
                85                  90                  95
Pro Ser Glu Ser Phe Glu Tyr Leu Gln Glu Leu Val Lys Ser Gly Val

            100                 105                 110
Val Asp Ile Thr His Leu His Arg Gly Arg Glu Pro Leu Thr Asp Leu
        115                 120                 125
Val Arg Glu Leu Glu Ile Thr Val Val Ile Asp Ala Val Leu Pro Pro
    130                 135                 140
Pro Gly Val Val Pro Gly Thr Leu Val His Asn Leu Val Lys Glu Gly
145                 150                 155                 160
Tyr Ala Arg Met Arg Pro Gly Thr Arg Gly Leu Asp Val Ala Ala Asp

                165                 170                 175
Gly Thr Val Gln Gly Gln Arg His Leu Ala Ala Val Gly Arg Met Thr
            180                 185                 190
Glu Asp Val Val Leu Gly Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Leu His Asp
        195                 200                 205
Ile Ile Pro Lys Trp Ala Arg Arg Val Ile Arg Asp Ala Ser Thr Tyr
    210                 215                 220
Pro Asp Arg Val His Gly Thr Pro Pro Leu Pro Ala Arg Leu Glu Pro

225                 230                 235                 240
Trp Ala Glu Lys Leu Thr Ser Asp Pro Ala Thr Cys Arg His Leu Ile
                245                 250                 255
Glu Glu Phe Gly Ser Pro Val Asn Val Leu His Ser Gly Ser Met Pro
            260                 265                 270
Arg Asn Ile Asn Glu Leu Val Asp Ala Gly Ile Gln Met Gly Val Asp
        275                 280                 285
Thr Arg Ile Phe Phe Ala Arg Lys Ala Asn Lys Gly Leu Thr Phe Val

    290                 295                 300
Asp Ala Val Lys Asp Thr Gly His Gly Val Asp Val Ala Ser Glu Arg
305                 310                 315                 320
Glu Leu Ser Gln Val Leu Asn Arg Gly Val Pro Gly Glu Arg Ile Ile
                325                 330                 335
Leu Ser Ala Ala Ile Lys Pro Asp Arg Leu Leu Ala Leu Ala Ile Glu
            340                 345                 350
Asn Gly Val Ile Ile Ser Val Asp Ser Arg Asp Glu Leu Asp Arg Ile

        355                 360                 365
Ser Ala Leu Val Gly Asp Arg Val Ala Arg Val Ala Pro Arg Val Ala
    370                 375                 380
Pro Asp Pro Ala Val Leu Pro Pro Thr Arg Phe Gly Glu Arg Ala Ala
385                 390                 395                 400
Asp Trp Gly Asn Arg Leu Thr Glu Val Ile Pro Gly Val Asp Ile Val
                405                 410                 415
```

```
Gly Leu His Val His Leu His Gly Tyr Ala Ala Lys Asp Arg Ala Leu

            420                 425                 430
Ala Leu Gln Glu Cys Cys Gln Leu Val Asp Ser Leu Arg Glu Cys Gly
        435                 440                 445
His Ser Pro Gln Phe Ile Asp Leu Gly Gly Gly Val Pro Met Ser Tyr
    450                 455                 460
Ile Glu Ser Glu Glu Asp Trp Ile Arg Tyr Gln Ser Ala Lys Ser Ala
465                 470                 475                 480
Thr Ser Ala Gly Tyr Ala Glu Ser Phe Thr Trp Lys Asp Asp Pro Leu

                485                 490                 495
Ser Asn Thr Tyr Pro Phe Tyr Gln Thr Pro Val Arg Gly Asn Trp Leu
            500                 505                 510
Lys Asp Val Leu Ser Lys Gly Val Ala Gln Met Leu Ile Asp Arg Gly
        515                 520                 525
Leu Arg Leu His Ile Glu Pro Gly Arg Ser Leu Leu Asp Gly Cys Gly
    530                 535                 540
Val Thr Leu Ala Glu Val Ala Phe Val Lys Thr Arg Ser Asp Gly Leu

545                 550                 555                 560
Pro Leu Val Gly Leu Ala Met Asn Arg Thr Gln Cys Arg Thr Thr Ser
                565                 570                 575
Asp Asp Phe Leu Ile Asp Pro Leu His Ile Thr Asp Gly Asp Val Gly
            580                 585                 590
Glu Glu Ile Glu Ala Tyr Leu Val Gly Ala Tyr Cys Ile Glu Asp Glu
        595                 600                 605
Leu Ile Leu Arg Arg Arg Ile Arg Phe Pro Arg Gly Val Lys Pro Gly

    610                 615                 620
Asp Ile Ile Gly Ile Pro Asn Thr Ala Gly Tyr Phe Met His Ile Leu
625                 630                 635                 640
Glu Ser Ala Ser His Gln Ile Pro Leu Ala Lys Asn Val Val Trp Pro
                645                 650                 655
Glu Gly Gln Leu Asp Asp Ile Asp Ala Asp
            660                 665
<210> 47
<211> 993
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(970)
<223> RXA01393
<400> 47
caaaagcaga cctgtaatga agatttccat gatcaccatc gtgacctatg gaagtactta 60
agtaaaatga ttggttctta acatggttta atatagcttc atg aac ccc att caa   115
                                            Met Asn Pro Ile Gln
                                              1               5
ctg gac act ttg ctc tca atc att gat gaa ggc agc ttc gaa ggc gcc   163
Leu Asp Thr Leu Leu Ser Ile Ile Asp Glu Gly Ser Phe Glu Gly Ala
                10                  15                  20

tcc tta gcc ctt tcc att tcc ccc tcg gcg gtg agt cag cgc gtt aaa   211
Ser Leu Ala Leu Ser Ile Ser Pro Ser Ala Val Ser Gln Arg Val Lys
            25                  30                  35
```

```
gct ctc gag cat cac gtg ggt cga gtg ttg gta tcg cgc acc caa ccg   259
Ala Leu Glu His His Val Gly Arg Val Leu Val Ser Arg Thr Gln Pro
         40                  45                  50
gcc aaa gca acc gaa gcg ggt gaa gtc ctt gtg caa gca gcg cgg aaa   307
Ala Lys Ala Thr Glu Ala Gly Glu Val Leu Val Gln Ala Ala Arg Lys

     55                  60                  65
atg gtg ttg ctg caa gca gaa act aaa gcg caa cta tct gga cgc ctt   355
Met Val Leu Leu Gln Ala Glu Thr Lys Ala Gln Leu Ser Gly Arg Leu
 70                  75                  80                  85
gct gaa atc ccg tta acc atc gcc atc aac gca gat tcg cta tcc aca   403
Ala Glu Ile Pro Leu Thr Ile Ala Ile Asn Ala Asp Ser Leu Ser Thr
                 90                  95                 100
tgg ttt cct ccc gtg ttc aac gag gta gct tct tgg ggt gga gca acg   451

Trp Phe Pro Pro Val Phe Asn Glu Val Ala Ser Trp Gly Gly Ala Thr
            105                 110                 115
ctc acg ctg cgc ttg gaa gat gaa gcg cac aca tta tcc ttg ctg cgg   499
Leu Thr Leu Arg Leu Glu Asp Glu Ala His Thr Leu Ser Leu Leu Arg
        120                 125                 130
cgt gga gat gtt tta gga gcg gta acc cgt gaa gct aat ccc gtg gcg   547
Arg Gly Asp Val Leu Gly Ala Val Thr Arg Glu Ala Asn Pro Val Ala
    135                 140                 145

gga tgt gaa gta gta gaa ctt gga acc atg cgc cac ttg gcc att gca   595
Gly Cys Glu Val Val Glu Leu Gly Thr Met Arg His Leu Ala Ile Ala
150                 155                 160                 165
acc ccc tca ttg cgg gat gcc tac atg gtt gat ggg aaa cta gat tgg   643
Thr Pro Ser Leu Arg Asp Ala Tyr Met Val Asp Gly Lys Leu Asp Trp
                170                 175                 180
gct gcg atg ccc gtc tta cgc ttc ggt ccc aaa gat gtg ctt caa gac   691
Ala Ala Met Pro Val Leu Arg Phe Gly Pro Lys Asp Val Leu Gln Asp

            185                 190                 195
cgt gac ctg gac ggg cgc gtc gat ggt cct gtg ggg cgc agg cgc gta   739
Arg Asp Leu Asp Gly Arg Val Asp Gly Pro Val Gly Arg Arg Arg Val
        200                 205                 210
tcc att gtc ccg tcg gcg gaa ggt ttt ggt gag gca att cgc cga ggc   787
Ser Ile Val Pro Ser Ala Glu Gly Phe Gly Glu Ala Ile Arg Arg Gly
    215                 220                 225
ctt ggt tgg gga ctt ctt ccc gaa acc caa gct gct ccc atg cta aaa   835

Leu Gly Trp Gly Leu Leu Pro Glu Thr Gln Ala Ala Pro Met Leu Lys
230                 235                 240                 245
gca gga gaa gtg atc ctc ctc gat gag ata ccc att gac aca ccg atg   883
Ala Gly Glu Val Ile Leu Leu Asp Glu Ile Pro Ile Asp Thr Pro Met
                250                 255                 260
tat tgg caa cga tgg cgc ctg gaa tct aga tct cta gct aga ctc aca   931
Tyr Trp Gln Arg Trp Arg Leu Glu Ser Arg Ser Leu Ala Arg Leu Thr
            265                 270                 275

gac gcc gtc gtt gat gca gca atc gag gga ttg cgg cct tagttacttc    980
Asp Ala Val Val Asp Ala Ala Ile Glu Gly Leu Arg Pro
        280                 285                 290
tgaaaaggtt cag                                                   993
<210> 48
<211> 290
```

<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 48
Met Asn Pro Ile Gln Leu Asp Thr Leu Leu Ser Ile Ile Asp Glu Gly
  1   5   10   15
Ser Phe Glu Gly Ala Ser Leu Ala Leu Ser Ile Ser Pro Ser Ala Val

             20   25   30
Ser Gln Arg Val Lys Ala Leu Glu His His Val Gly Arg Val Leu Val
         35   40   45
Ser Arg Thr Gln Pro Ala Lys Ala Thr Glu Ala Gly Glu Val Leu Val
     50   55   60
Gln Ala Ala Arg Lys Met Val Leu Leu Gln Ala Glu Thr Lys Ala Gln
 65   70   75   80
Leu Ser Gly Arg Leu Ala Glu Ile Pro Leu Thr Ile Ala Ile Asn Ala

                 85   90   95
Asp Ser Leu Ser Thr Trp Phe Pro Pro Val Phe Asn Glu Val Ala Ser
            100   105   110
Trp Gly Gly Ala Thr Leu Thr Leu Arg Leu Glu Asp Glu Ala His Thr
        115   120   125
Leu Ser Leu Leu Arg Arg Gly Asp Val Leu Gly Ala Val Thr Arg Glu
    130   135   140
Ala Asn Pro Val Ala Gly Cys Glu Val Val Glu Leu Gly Thr Met Arg

145   150   155   160
His Leu Ala Ile Ala Thr Pro Ser Leu Arg Asp Ala Tyr Met Val Asp
                165   170   175
Gly Lys Leu Asp Trp Ala Ala Met Pro Val Leu Arg Phe Gly Pro Lys
            180   185   190
Asp Val Leu Gln Asp Arg Asp Leu Asp Gly Arg Val Asp Gly Pro Val
        195   200   205
Gly Arg Arg Arg Val Ser Ile Val Pro Ser Ala Glu Gly Phe Gly Glu

    210   215   220
Ala Ile Arg Arg Gly Leu Gly Trp Gly Leu Leu Pro Glu Thr Gln Ala
225   230   235   240
Ala Pro Met Leu Lys Ala Gly Glu Val Ile Leu Leu Asp Glu Ile Pro
                245   250   255
Ile Asp Thr Pro Met Tyr Trp Gln Arg Trp Arg Leu Glu Ser Arg Ser
            260   265   270
Leu Ala Arg Leu Thr Asp Ala Val Val Asp Ala Ala Ile Glu Gly Leu

        275   280   285
Arg Pro
    290
<210> 49
<211> 1626
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1603)
<223> RXA00241
<400> 49
ggtctccagc ctttctaaac aattcatctg cacttgatta attggcccca agattacgcg 60

```
aagtttagcg acttcgccgt acgtcaacta cgttaaatga gtg aat act caa tca   115
                                             Val Asn Thr Gln Ser
                                               1               5
gat tct gcg ggg tct caa ggt gca gcg gcc aca agt cgt act gta tct   163
Asp Ser Ala Gly Ser Gln Gly Ala Ala Ala Thr Ser Arg Thr Val Ser
                 10                  15                  20

att aga acc ctc atc gcg ctg atc atc gga tcg acc gtc ggc gcg gga   211
Ile Arg Thr Leu Ile Ala Leu Ile Ile Gly Ser Thr Val Gly Ala Gly
             25                  30                  35
att ttc tcc atc cct caa aac atc ggc tca gtc gca ggt ccc ggc gcg   259
Ile Phe Ser Ile Pro Gln Asn Ile Gly Ser Val Ala Gly Pro Gly Ala
         40                  45                  50
atg ctc atc ggc tgg ctg atc gcc ggt gtg ggc atg ttg tcc gta gcg   307
Met Leu Ile Gly Trp Leu Ile Ala Gly Val Gly Met Leu Ser Val Ala

     55                  60                  65
ttc gtg ttc cat gtt ctt gcc cgc cgt aaa cct cac ctc gat tct ggc   355
Phe Val Phe His Val Leu Ala Arg Arg Lys Pro His Leu Asp Ser Gly
 70                  75                  80                  85
gtc tac gca tat gcg cgt gtt gga ttg ggc gat tat gta ggt ttc tcc   403
Val Tyr Ala Tyr Ala Arg Val Gly Leu Gly Asp Tyr Val Gly Phe Ser
                 90                  95                 100
tcc gct tgg ggt tat tgg ctg ggt tca gtc atc gcc caa gtt ggc tac   451

Ser Ala Trp Gly Tyr Trp Leu Gly Ser Val Ile Ala Gln Val Gly Tyr
            105                 110                 115
gca acg tta ttt ttc tcc acg ttg ggc cac tac gta ccg ctg ttt tcc   499
Ala Thr Leu Phe Phe Ser Thr Leu Gly His Tyr Val Pro Leu Phe Ser
        120                 125                 130
caa gat cat cca ttt gtg tca gcg ttg gca gtt agc gct ttg acc tgg   547
Gln Asp His Pro Phe Val Ser Ala Leu Ala Val Ser Ala Leu Thr Trp
    135                 140                 145

ctg gtg ttt gga gtt gtt tcc cga gga att agc caa gct gct ttc ttg   595
Leu Val Phe Gly Val Val Ser Arg Gly Ile Ser Gln Ala Ala Phe Leu
150                 155                 160                 165
aca acg gtc acc acc gtg gcc aaa att ctg cct ctg ttg tgc ttc atc   643
Thr Thr Val Thr Thr Val Ala Lys Ile Leu Pro Leu Leu Cys Phe Ile
                170                 175                 180
atc ctt gtt gca ttc ttg ggc ttt agc tgg gag aag ttc act gtt gat   691
Ile Leu Val Ala Phe Leu Gly Phe Ser Trp Glu Lys Phe Thr Val Asp

            185                 190                 195
tta tgg gcg cgt gat ggt ggc gtg ggc agc att ttt gat cag gtg cgc   739
Leu Trp Ala Arg Asp Gly Gly Val Gly Ser Ile Phe Asp Gln Val Arg
        200                 205                 210
ggc atc atg gtg tac acc gtg tgg gtg ttc atc ggt atc gaa ggt gca   787
Gly Ile Met Val Tyr Thr Val Trp Val Phe Ile Gly Ile Glu Gly Ala
    215                 220                 225
tcg gta tat tcc cgc cag gca cgc tca cgc agt gat gtc agc cga gct   835

Ser Val Tyr Ser Arg Gln Ala Arg Ser Arg Ser Asp Val Ser Arg Ala
230                 235                 240                 245
acc gtg att ggt ttt gtg gct gtt ctc ctt ttg ctg gtg tcg att tct   883
Thr Val Ile Gly Phe Val Ala Val Leu Leu Leu Leu Val Ser Ile Ser
                250                 255                 260
```

```
tcg ctg agc ttc ggt gta ctg acc caa caa gag ctc gct gcg tta cca   931
Ser Leu Ser Phe Gly Val Leu Thr Gln Gln Glu Leu Ala Ala Leu Pro
            265                 270                 275

gat aat tcc atg gcg tcg gtg ctc gaa gct gtt gtt ggt cca tgg ggt   979
Asp Asn Ser Met Ala Ser Val Leu Glu Ala Val Val Gly Pro Trp Gly
        280                 285                 290
gcc gca ttg att tcg ttg ggt ctg tgt ctt tcg gtt ctt ggg gcc tat   1027
Ala Ala Leu Ile Ser Leu Gly Leu Cys Leu Ser Val Leu Gly Ala Tyr
    295                 300                 305
gtg tcc tgg cag atg ctc tgc gca gaa cca ctg gcg ttg atg gca atg   1075
Val Ser Trp Gln Met Leu Cys Ala Glu Pro Leu Ala Leu Met Ala Met

310                 315                 320                 325
gat ggc ctc att cca agc aaa atc ggg gcc atc aac agc cgc ggt gct   1123
Asp Gly Leu Ile Pro Ser Lys Ile Gly Ala Ile Asn Ser Arg Gly Ala
                330                 335                 340
gcc tgg atg gct cag ctg atc tcc acc atc gtg att cag att ttc atc   1171
Ala Trp Met Ala Gln Leu Ile Ser Thr Ile Val Ile Gln Ile Phe Ile
            345                 350                 355
atc att ttc ttc ctc aac gag acc acc tac gtc tcc atg gtg caa ttg   1219

Ile Ile Phe Phe Leu Asn Glu Thr Thr Tyr Val Ser Met Val Gln Leu
        360                 365                 370
gct acc aac cta tac ttg gtg cct tac ctg ttc tct gcc ttt tat ctg   1267
Ala Thr Asn Leu Tyr Leu Val Pro Tyr Leu Phe Ser Ala Phe Tyr Leu
    375                 380                 385
gtc atg ctg gca aca cgt gga aaa gga atc acc cac cca cat gcc ggc   1315
Val Met Leu Ala Thr Arg Gly Lys Gly Ile Thr His Pro His Ala Gly
390                 395                 400                 405

aca cgt ttt gat gat tcc ggt cca gag ata tcc cgc cga gaa aac cgc   1363
Thr Arg Phe Asp Asp Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Arg Glu Asn Arg
                410                 415                 420
aaa cac ctc atc gtc ggt tta gta gca acg gtg tat tca gtg tgg ctg   1411
Lys His Leu Ile Val Gly Leu Val Ala Thr Val Tyr Ser Val Trp Leu
            425                 430                 435
ttt tac gct gca gaa ccg cag ttt gtc ctc ttc gga gcc atg gcg atg   1459
Phe Tyr Ala Ala Glu Pro Gln Phe Val Leu Phe Gly Ala Met Ala Met

        440                 445                 450
ctt ccc ggc tta atc ccc tat gtg tgg aca agg att tat cgt ggc gaa   1507
Leu Pro Gly Leu Ile Pro Tyr Val Trp Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Glu
    455                 460                 465
cag gtg ttt aac cgc ttt gaa atc ggc gtg gtt gtt gtc ctg gtc gtt   1555
Gln Val Phe Asn Arg Phe Glu Ile Gly Val Val Val Val Leu Val Val
470                 475                 480                 485
gct gcc agc gcg ggc gtt att ggt ttg gtc aac gga tca cta tcg ctt   1603

Ala Ala Ser Ala Gly Val Ile Gly Leu Val Asn Gly Ser Leu Ser Leu
                490                 495                 500
taaacaccga aaccttcctg cta                                       1626
<210> 50
<211> 501
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 50
```

```
Val Asn Thr Gln Ser Asp Ser Ala Gly Ser Gln Gly Ala Ala Ala Thr
  1               5                  10                  15
Ser Arg Thr Val Ser Ile Arg Thr Leu Ile Ala Leu Ile Ile Gly Ser
             20                  25                  30

Thr Val Gly Ala Gly Ile Phe Ser Ile Pro Gln Asn Ile Gly Ser Val
         35                  40                  45
Ala Gly Pro Gly Ala Met Leu Ile Gly Trp Leu Ile Ala Gly Val Gly
     50                  55                  60
Met Leu Ser Val Ala Phe Val Phe His Val Leu Ala Arg Arg Lys Pro
 65                  70                  75                  80
His Leu Asp Ser Gly Val Tyr Ala Tyr Ala Arg Val Gly Leu Gly Asp
                 85                  90                  95

Tyr Val Gly Phe Ser Ser Ala Trp Gly Tyr Trp Leu Gly Ser Val Ile
            100                 105                 110
Ala Gln Val Gly Tyr Ala Thr Leu Phe Phe Ser Thr Leu Gly His Tyr
        115                 120                 125
Val Pro Leu Phe Ser Gln Asp His Pro Phe Val Ser Ala Leu Ala Val
    130                 135                 140
Ser Ala Leu Thr Trp Leu Val Phe Gly Val Val Ser Arg Gly Ile Ser
145                 150                 155                 160

Gln Ala Ala Phe Leu Thr Thr Val Thr Thr Val Ala Lys Ile Leu Pro
                165                 170                 175
Leu Leu Cys Phe Ile Ile Leu Val Ala Phe Leu Gly Phe Ser Trp Glu
            180                 185                 190
Lys Phe Thr Val Asp Leu Trp Ala Arg Asp Gly Gly Val Gly Ser Ile
        195                 200                 205
Phe Asp Gln Val Arg Gly Ile Met Val Tyr Thr Val Trp Val Phe Ile
    210                 215                 220

Gly Ile Glu Gly Ala Ser Val Tyr Ser Arg Gln Ala Arg Ser Arg Ser
225                 230                 235                 240
Asp Val Ser Arg Ala Thr Val Ile Gly Phe Val Ala Val Leu Leu Leu
                245                 250                 255
Leu Val Ser Ile Ser Ser Leu Ser Phe Gly Val Leu Thr Gln Gln Glu
            260                 265                 270
Leu Ala Ala Leu Pro Asp Asn Ser Met Ala Ser Val Leu Glu Ala Val
        275                 280                 285

Val Gly Pro Trp Gly Ala Ala Leu Ile Ser Leu Gly Leu Cys Leu Ser
    290                 295                 300
Val Leu Gly Ala Tyr Val Ser Trp Gln Met Leu Cys Ala Glu Pro Leu
305                 310                 315                 320
Ala Leu Met Ala Met Asp Gly Leu Ile Pro Ser Lys Ile Gly Ala Ile
                325                 330                 335
Asn Ser Arg Gly Ala Ala Trp Met Ala Gln Leu Ile Ser Thr Ile Val
            340                 345                 350

Ile Gln Ile Phe Ile Ile Ile Phe Phe Leu Asn Glu Thr Thr Tyr Val
        355                 360                 365
Ser Met Val Gln Leu Ala Thr Asn Leu Tyr Leu Val Pro Tyr Leu Phe
    370                 375                 380
Ser Ala Phe Tyr Leu Val Met Leu Ala Thr Arg Gly Lys Gly Ile Thr
385                 390                 395                 400
His Pro His Ala Gly Thr Arg Phe Asp Asp Ser Gly Pro Glu Ile Ser
```

```
               405                 410                 415

Arg Arg Glu Asn Arg Lys His Leu Ile Val Gly Leu Val Ala Thr Val
            420                 425                 430
Tyr Ser Val Trp Leu Phe Tyr Ala Ala Glu Pro Gln Phe Val Leu Phe
        435                 440                 445
Gly Ala Met Ala Met Leu Pro Gly Leu Ile Pro Tyr Val Trp Thr Arg
    450                 455                 460
Ile Tyr Arg Gly Glu Gln Val Phe Asn Arg Phe Glu Ile Gly Val Val
465                 470                 475                 480

Val Val Leu Val Val Ala Ala Ser Ala Gly Val Ile Gly Leu Val Asn
                485                 490                 495
Gly Ser Leu Ser Leu
            500
<210> 51
<211> 822
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(799)
<223> RXA01394
<400> 51
gagcaaagtg tccagttgaa tggggttcat gaagctatat taaaccatgt taagaaccaa 60
tcattttact taagtacttc cataggtcac gatggtgatc atg gaa atc ttc att   115
                                            Met Glu Ile Phe Ile
                                              1               5
aca ggt ctg ctt ttg ggg gcc agt ctt tta ctg tcc atc gga ccg cag   163
Thr Gly Leu Leu Leu Gly Ala Ser Leu Leu Leu Ser Ile Gly Pro Gln
                10                  15                  20

aat gta ctg gtg att aaa caa gga att aag cgc gaa gga ctc att gcg   211
Asn Val Leu Val Ile Lys Gln Gly Ile Lys Arg Glu Gly Leu Ile Ala
            25                  30                  35
gtt ctt ctc gtg tgt tta att tct gac gtc ttt ttg ttc atc gcc ggc   259
Val Leu Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Val Phe Leu Phe Ile Ala Gly
        40                  45                  50
acc ttg ggc gtt gat ctt ttg tcc aat gcc gcg ccg atc gtg ctc gat   307
Thr Leu Gly Val Asp Leu Leu Ser Asn Ala Ala Pro Ile Val Leu Asp

    55                  60                  65
att atg cgc tgg ggt ggc atc gct tac ctg tta tgg ttt gcc gtc atg   355
Ile Met Arg Trp Gly Gly Ile Ala Tyr Leu Leu Trp Phe Ala Val Met
 70                  75                  80                  85
gca gcg aaa gac gcc atg aca aac aag gtg gaa gcg cca cag atc att   403
Ala Ala Lys Asp Ala Met Thr Asn Lys Val Glu Ala Pro Gln Ile Ile
                90                  95                  100
gaa gaa aca gaa cca acc gtg ccc gat gac acg cct ttg ggc ggt tcg   451

Glu Glu Thr Glu Pro Thr Val Pro Asp Asp Thr Pro Leu Gly Gly Ser
            105                 110                 115
gcg gtg gcc act gac acg cgc aac cgg gtg cgg gtg gag gtg agc gtc   499
Ala Val Ala Thr Asp Thr Arg Asn Arg Val Arg Val Glu Val Ser Val
        120                 125                 130
gat aag cag cgg gtt tgg gta aag ccc atg ttg atg gca atc gtg ctg   547
```

```
Asp Lys Gln Arg Val Trp Val Lys Pro Met Leu Met Ala Ile Val Leu
    135                 140                 145

acc tgg ttg aac ccg aat gcg tat ttg gac gcg ttt gtg ttt atc ggc   595
Thr Trp Leu Asn Pro Asn Ala Tyr Leu Asp Ala Phe Val Phe Ile Gly
150                 155                 160                 165
ggc gtc ggc gcg caa tac ggc gac acc gga cgg tgg att ttc gcc gct   643
Gly Val Gly Ala Gln Tyr Gly Asp Thr Gly Arg Trp Ile Phe Ala Ala
                170                 175                 180
ggc gcg ttc gcg gca agc ctg atc tgg ttc ccg ctg gtg ggt ttc ggc   691
Gly Ala Phe Ala Ala Ser Leu Ile Trp Phe Pro Leu Val Gly Phe Gly

            185                 190                 195
gca gca gca ttg tca cgc ccg ctg tcc agc ccc aag gtg tgg cgc tgg   739
Ala Ala Ala Leu Ser Arg Pro Leu Ser Ser Pro Lys Val Trp Arg Trp
        200                 205                 210
atc aac gtc gtc gtg gca gtt gtg atg acc gca ttg gcc atc aaa ctg   787
Ile Asn Val Val Val Ala Val Val Met Thr Ala Leu Ala Ile Lys Leu
    215                 220                 225
atg ttg atg ggt tagttttcgc gggttttgga atc                        822

Met Leu Met Gly
230
<210> 52
<211> 233
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 52
Met Glu Ile Phe Ile Thr Gly Leu Leu Leu Gly Ala Ser Leu Leu Leu
  1               5                  10                  15
Ser Ile Gly Pro Gln Asn Val Leu Val Ile Lys Gln Gly Ile Lys Arg
             20                  25                  30
Glu Gly Leu Ile Ala Val Leu Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Val Phe
         35                  40                  45

Leu Phe Ile Ala Gly Thr Leu Gly Val Asp Leu Leu Ser Asn Ala Ala
     50                  55                  60
Pro Ile Val Leu Asp Ile Met Arg Trp Gly Gly Ile Ala Tyr Leu Leu
 65                  70                  75                  80
Trp Phe Ala Val Met Ala Ala Lys Asp Ala Met Thr Asn Lys Val Glu
                 85                  90                  95
Ala Pro Gln Ile Ile Glu Glu Thr Glu Pro Thr Val Pro Asp Asp Thr
            100                 105                 110

Pro Leu Gly Gly Ser Ala Val Ala Thr Asp Thr Arg Asn Arg Val Arg
        115                 120                 125
Val Glu Val Ser Val Asp Lys Gln Arg Val Trp Val Lys Pro Met Leu
    130                 135                 140
Met Ala Ile Val Leu Thr Trp Leu Asn Pro Asn Ala Tyr Leu Asp Ala
145                 150                 155                 160
Phe Val Phe Ile Gly Gly Val Gly Ala Gln Tyr Gly Asp Thr Gly Arg
                165                 170                 175

Trp Ile Phe Ala Ala Gly Ala Phe Ala Ala Ser Leu Ile Trp Phe Pro
            180                 185                 190
Leu Val Gly Phe Gly Ala Ala Ala Leu Ser Arg Pro Leu Ser Ser Pro
        195                 200                 205
```

Lys Val Trp Arg Trp Ile Asn Val Val Val Ala Val Val Met Thr Ala
210 215 220
Leu Ala Ile Lys Leu Met Leu Met Gly
225 230
<210> 53
<211> 1026
<212> DNA
<
213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1003)
<223> RXA00865
<400> 53
ttatcggaat gtggcttggg cgattgttat gcaaaagttg ttaggttttt tgcggggttg 60
tttaaccccc aaatgaggga agaaggtaac cttgaactct atg agc aca ggt tta 115
Met Ser Thr Gly Leu
1 5
aca gct aag acc gga gta gag cac ttc ggc acc gtt gga gta gca atg 163
Thr Ala Lys Thr Gly Val Glu His Phe Gly Thr Val Gly Val Ala Met
10 15 20

gtt act cca ttc acg gaa tcc gga gac atc gat atc gct gct ggc cgc 211
Val Thr Pro Phe Thr Glu Ser Gly Asp Ile Asp Ile Ala Ala Gly Arg
25 30 35
gaa gtc gcg gct tat ttg gtt gat aag ggc ttg gat tct ttg gtt ctc 259
Glu Val Ala Ala Tyr Leu Val Asp Lys Gly Leu Asp Ser Leu Val Leu
40 45 50
gcg ggc acc act ggt gaa tcc cca acg aca acc gcc gct gaa aaa cta 307
Ala Gly Thr Thr Gly Glu Ser Pro Thr Thr Thr Ala Ala Glu Lys Leu

55 60 65
gaa ctg ctc aag gcc gtt cgt gag gaa gtt ggg gat cgg gcg aag ctc 355
Glu Leu Leu Lys Ala Val Arg Glu Glu Val Gly Asp Arg Ala Lys Leu
70 75 80 85
atc gcc ggt gtc gga acc aac aac acg cgg aca tct gtg gaa ctt gcg 403
Ile Ala Gly Val Gly Thr Asn Asn Thr Arg Thr Ser Val Glu Leu Ala
90 95 100
gaa gct gct gct tct gct ggc gca gac ggc ctt tta gtt gta act cct 451

Glu Ala Ala Ala Ser Ala Gly Ala Asp Gly Leu Leu Val Val Thr Pro
105 110 115
tat tac tcc aag ccg agc caa gag gga ttg ctg gcg cac ttc ggt gca 499
Tyr Tyr Ser Lys Pro Ser Gln Glu Gly Leu Leu Ala His Phe Gly Ala
120 125 130
att gct gca gca aca gag gtt cca att tgt ctc tat gac att cct ggt 547
Ile Ala Ala Ala Thr Glu Val Pro Ile Cys Leu Tyr Asp Ile Pro Gly
135 140 145

cgg tca ggt att cca att gag tct gat acc atg aga cgc ctg agt gaa 595
Arg Ser Gly Ile Pro Ile Glu Ser Asp Thr Met Arg Arg Leu Ser Glu
150 155 160 165
tta cct acg att ttg gcg gtc aag gac gcc aag ggt gac ctc gtt gca 643
Leu Pro Thr Ile Leu Ala Val Lys Asp Ala Lys Gly Asp Leu Val Ala
170 175 180
gcc acg tca ttg atc aaa gaa acg gga ctt gcc tgg tat tca ggc gat 691

```
Ala Thr Ser Leu Ile Lys Glu Thr Gly Leu Ala Trp Tyr Ser Gly Asp

            185                 190                 195
gac cca cta aac ctt gtt tgg ctt gct ttg ggc gga tca ggt ttc att   739
Asp Pro Leu Asn Leu Val Trp Leu Ala Leu Gly Gly Ser Gly Phe Ile
        200                 205                 210
tcc gta att gga cat gca gcc ccc aca gca tta cgt gag ttg tac aca   787
Ser Val Ile Gly His Ala Ala Pro Thr Ala Leu Arg Glu Leu Tyr Thr
    215                 220                 225
agc ttc gag gaa ggc gac ctc gtc cgt gcg cgg gaa atc aac gcc aaa   835

Ser Phe Glu Glu Gly Asp Leu Val Arg Ala Arg Glu Ile Asn Ala Lys
230                 235                 240                 245
cta tca ccg ctg gta gct gcc caa ggt cgc ttg ggt gga gtc agc ttg   883
Leu Ser Pro Leu Val Ala Ala Gln Gly Arg Leu Gly Gly Val Ser Leu
                250                 255                 260
gca aaa gct gct ctg cgt ctg cag ggc atc aac gta gga gat cct cga   931
Ala Lys Ala Ala Leu Arg Leu Gln Gly Ile Asn Val Gly Asp Pro Arg
            265                 270                 275

ctt cca att atg gct cca aat gag cag gaa ctt gag gct ctc cga gaa   979
Leu Pro Ile Met Ala Pro Asn Glu Gln Glu Leu Glu Ala Leu Arg Glu
        280                 285                 290
gac atg aaa aaa gct gga gtt cta taaatatgaa tgattcccga aat         1026
Asp Met Lys Lys Ala Gly Val Leu
    295                 300
<210> 54
<211> 301
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 54
Met Ser Thr Gly Leu Thr Ala Lys Thr Gly Val Glu His Phe Gly Thr
  1               5                  10                  15

Val Gly Val Ala Met Val Thr Pro Phe Thr Glu Ser Gly Asp Ile Asp
             20                  25                  30
Ile Ala Ala Gly Arg Glu Val Ala Ala Tyr Leu Val Asp Lys Gly Leu
         35                  40                  45
Asp Ser Leu Val Leu Ala Gly Thr Thr Gly Glu Ser Pro Thr Thr Thr
     50                  55                  60
Ala Ala Glu Lys Leu Glu Leu Leu Lys Ala Val Arg Glu Glu Val Gly
 65                  70                  75                  80

Asp Arg Ala Lys Leu Ile Ala Gly Val Gly Thr Asn Asn Thr Arg Thr
                 85                  90                  95
Ser Val Glu Leu Ala Glu Ala Ala Ala Ser Ala Gly Ala Asp Gly Leu
            100                 105                 110
Leu Val Val Thr Pro Tyr Tyr Ser Lys Pro Ser Gln Glu Gly Leu Leu
        115                 120                 125
Ala His Phe Gly Ala Ile Ala Ala Ala Thr Glu Val Pro Ile Cys Leu
    130                 135                 140

Tyr Asp Ile Pro Gly Arg Ser Gly Ile Pro Ile Glu Ser Asp Thr Met
145                 150                 155                 160
Arg Arg Leu Ser Glu Leu Pro Thr Ile Leu Ala Val Lys Asp Ala Lys
                165                 170                 175
Gly Asp Leu Val Ala Ala Thr Ser Leu Ile Lys Glu Thr Gly Leu Ala
```

```
            180                 185                 190
Trp Tyr Ser Gly Asp Asp Pro Leu Asn Leu Val Trp Leu Ala Leu Gly
        195                 200                 205

Gly Ser Gly Phe Ile Ser Val Ile Gly His Ala Ala Pro Thr Ala Leu
    210                 215                 220
Arg Glu Leu Tyr Thr Ser Phe Glu Glu Gly Asp Leu Val Arg Ala Arg
225                 230                 235                 240
Glu Ile Asn Ala Lys Leu Ser Pro Leu Val Ala Ala Gln Gly Arg Leu
                245                 250                 255
Gly Gly Val Ser Leu Ala Lys Ala Ala Leu Arg Leu Gln Gly Ile Asn
            260                 265                 270

Val Gly Asp Pro Arg Leu Pro Ile Met Ala Pro Asn Glu Gln Glu Leu
        275                 280                 285
Glu Ala Leu Arg Glu Asp Met Lys Lys Ala Gly Val Leu
    290                 295                 300
<210> 55
<211> 1071
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1048)
<223> RXS02021
<400> 55
ttgggtcgcc gaggagatct aatcctggtt tgagttcaga gttcacaggt ttaagcctac 60
aaaccttagt taaaacatga tggaagcggt cgattaaaaa atg agt gaa aac att   115
                                              Met Ser Glu Asn Ile
                                                1               5
cgc gga gcc caa gca gtt gga atc gca aat atc gcc atg gac ggg acc   163
Arg Gly Ala Gln Ala Val Gly Ile Ala Asn Ile Ala Met Asp Gly Thr
                10                  15                  20

atc ctg gac acg tgg tac cca gaa ccc caa att ttc aac ccg gat cag   211
Ile Leu Asp Thr Trp Tyr Pro Glu Pro Gln Ile Phe Asn Pro Asp Gln
            25                  30                  35
tgg gct gaa cgc tac cca ttg gaa gtg ggc acc aca cgc ctc gga gca   259
Trp Ala Glu Arg Tyr Pro Leu Glu Val Gly Thr Thr Arg Leu Gly Ala
        40                  45                  50
aac gaa ctc acc cca cgg atg ctg cag ttg gta aaa ctg gac caa gat   307
Asn Glu Leu Thr Pro Arg Met Leu Gln Leu Val Lys Leu Asp Gln Asp

    55                  60                  65
cgc ctc gtc gaa cag gta gca gtc cgc acc gtt atc ccc gat ctg tct   355
Arg Leu Val Glu Gln Val Ala Val Arg Thr Val Ile Pro Asp Leu Ser
 70                  75                  80                  85
caa cct cca gta gac gcg cac gat gtt tac ctg cgc ctc cac ctg ctt   403
Gln Pro Pro Val Asp Ala His Asp Val Tyr Leu Arg Leu His Leu Leu
                90                  95                  100
tcc cac cgg ctg gtc cgc ccc cac gaa atg cac atg caa aac acc ttg   451

Ser His Arg Leu Val Arg Pro His Glu Met His Met Gln Asn Thr Leu
            105                 110                 115
gag ctg ctg tcc gac gtg gtg tgg aca aac aag ggc cct tgc ctt cct   499
Glu Leu Leu Ser Asp Val Val Trp Thr Asn Lys Gly Pro Cys Leu Pro
```

```
        120                 125                 130
gaa aac ttt gag tgg gtg cgt ggt gct ctg cgg tcc cgc gga ctc atc   547
Glu Asn Phe Glu Trp Val Arg Gly Ala Leu Arg Ser Arg Gly Leu Ile
    135                 140                 145

cac gtc tac tgt gtg gac cgt ctt ccc cgc atg gtc gac tat gtg gtt   595
His Val Tyr Cys Val Asp Arg Leu Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val
150                 155                 160                 165
ccc cct gga gtc cgc atc tcc gaa gca gaa cgc gtg cgc cta ggt gca   643
Pro Pro Gly Val Arg Ile Ser Glu Ala Glu Arg Val Arg Leu Gly Ala
                170                 175                 180
tac ctt gct ccg ggt acc tct gtg ctg cgt gaa ggt ttc gtg tct ttc   691
Tyr Leu Ala Pro Gly Thr Ser Val Leu Arg Glu Gly Phe Val Ser Phe

            185                 190                 195
aac tcc ggc acc ttg ggt gcc gca aag gtg gaa ggc cgc ctg agt tcc   739
Asn Ser Gly Thr Leu Gly Ala Ala Lys Val Glu Gly Arg Leu Ser Ser
        200                 205                 210
ggt gtg gtc atc ggt gaa ggt tcc gag att gga ctg tct tct act att   787
Gly Val Val Ile Gly Glu Gly Ser Glu Ile Gly Leu Ser Ser Thr Ile
    215                 220                 225
cag tcc ccg aga gat gaa cag cgc cgc cgt ttg ccg ttg agc atc ggc   835

Gln Ser Pro Arg Asp Glu Gln Arg Arg Arg Leu Pro Leu Ser Ile Gly
230                 235                 240                 245
caa aac tgc aac ttt ggt gtc agc tcc gga atc atc gga gtc agt ctg   883
Gln Asn Cys Asn Phe Gly Val Ser Ser Gly Ile Ile Gly Val Ser Leu
                250                 255                 260
gga gac aat tgc gac atc gga aat aac att gtc ttg gat gga gat acc   931
Gly Asp Asn Cys Asp Ile Gly Asn Asn Ile Val Leu Asp Gly Asp Thr
            265                 270                 275

ccc att tgg ttc gca gcc gat gag gag tta cgc act atc gac tcc atc   979
Pro Ile Trp Phe Ala Ala Asp Glu Glu Leu Arg Thr Ile Asp Ser Ile
        280                 285                 290
gaa ggc caa gca aat tgg tca atc aag cgt gaa tcc ggc ttc cat gag   1027
Glu Gly Gln Ala Asn Trp Ser Ile Lys Arg Glu Ser Gly Phe His Glu
    295                 300                 305
cca gtt gcc cgc ctc aaa gct tgacccattt tcataaccag tgc            1071
Pro Val Ala Arg Leu Lys Ala

310                 315
<210> 56
<211> 316
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 56
Met Ser Glu Asn Ile Arg Gly Ala Gln Ala Val Gly Ile Ala Asn Ile
  1               5                  10                  15
Ala Met Asp Gly Thr Ile Leu Asp Thr Trp Tyr Pro Glu Pro Gln Ile
             20                  25                  30
Phe Asn Pro Asp Gln Trp Ala Glu Arg Tyr Pro Leu Glu Val Gly Thr
         35                  40                  45
Thr Arg Leu Gly Ala Asn Glu Leu Thr Pro Arg Met Leu Gln Leu Val

     50                  55                  60
Lys Leu Asp Gln Asp Arg Leu Val Glu Gln Val Ala Val Arg Thr Val
```

```
 65                  70                  75                  80
Ile Pro Asp Leu Ser Gln Pro Pro Val Asp Ala His Asp Val Tyr Leu
                 85                  90                  95
Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Leu Val Arg Pro His Glu Met His
            100                 105                 110
Met Gln Asn Thr Leu Glu Leu Leu Ser Asp Val Val Trp Thr Asn Lys

        115                 120                 125
Gly Pro Cys Leu Pro Glu Asn Phe Glu Trp Val Arg Gly Ala Leu Arg
    130                 135                 140
Ser Arg Gly Leu Ile His Val Tyr Cys Val Asp Arg Leu Pro Arg Met
145                 150                 155                 160
Val Asp Tyr Val Val Pro Pro Gly Val Arg Ile Ser Glu Ala Glu Arg
                165                 170                 175
Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Pro Gly Thr Ser Val Leu Arg Glu

            180                 185                 190
Gly Phe Val Ser Phe Asn Ser Gly Thr Leu Gly Ala Ala Lys Val Glu
        195                 200                 205
Gly Arg Leu Ser Ser Gly Val Val Ile Gly Glu Gly Ser Glu Ile Gly
    210                 215                 220
Leu Ser Ser Thr Ile Gln Ser Pro Arg Asp Glu Gln Arg Arg Arg Leu
225                 230                 235                 240
Pro Leu Ser Ile Gly Gln Asn Cys Asn Phe Gly Val Ser Ser Gly Ile

                245                 250                 255
Ile Gly Val Ser Leu Gly Asp Asn Cys Asp Ile Gly Asn Asn Ile Val
            260                 265                 270
Leu Asp Gly Asp Thr Pro Ile Trp Phe Ala Ala Asp Glu Glu Leu Arg
        275                 280                 285
Thr Ile Asp Ser Ile Glu Gly Gln Ala Asn Trp Ser Ile Lys Arg Glu
    290                 295                 300
Ser Gly Phe His Glu Pro Val Ala Arg Leu Lys Ala

305                 310                 315
<210> 57
<211> 1296
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1273)
<223> RXS02157
<400> 57
gggtggaatt ggcacgatgg tgctgccgga tgtttttgat cgggagaatt atcctgaagg 60
caccgttttt agaaaagacg acaaggatgg ggaactgtaa atg agc acg ctg gaa   115
                                              Met Ser Thr Leu Glu
                                                1               5
act tgg cca cag gtc att att aat acg tac ggc acc cca cca gtt gag   163
Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly Thr Pro Pro Val Glu
                10                  15                  20

ctg gtg tcc ggc aag ggc gca acc gtc act gat gac cag ggc aat gtc   211
Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp Asp Gln Gly Asn Val
            25                  30                  35
tac atc gac ttg ctc gcg ggc atc gca gtc aac gcg ttg ggc cac gcc   259
```

```
Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn Ala Leu Gly His Ala
         40                  45                  50
cac ccg gcg atc atc gag gcg gtc acc aac cag atc ggc caa ctt ggt   307
His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln Ile Gly Gln Leu Gly

     55                  60                  65
cac gtc tca aac ttg ttc gca tcc agg ccc gtc gtc gag gtc gcc gag   355
His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val Val Glu Val Ala Glu
 70                  75                  80                  85
gag ctc atc aag cgt ttt tcg ctt gac gac gcc acc ctc gcc gcg caa   403
Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala Thr Leu Ala Ala Gln
                 90                  95                 100
acc cgg gtt ttc ttc tgc aac tcg ggc gcc gaa gca aac gag gct gct   451

Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu Ala Asn Glu Ala Ala
            105                 110                 115
ttc aag att gca cgc ttg act ggt cgt tcc cgg att ctg gct gca gtt   499
Phe Lys Ile Ala Arg Leu Thr Gly Arg Ser Arg Ile Leu Ala Ala Val
        120                 125                 130
cat ggt ttc cac ggc cgc acc atg ggt tcc ctc gcg ctg act ggc cag   547
His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu Ala Leu Thr Gly Gln
    135                 140                 145

cca gac aag cgt gaa gcg ttc ctg cca atg cca agc ggt gtg gag ttc   595
Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro Ser Gly Val Glu Phe
150                 155                 160                 165
tac cct tac ggc gac acc gat tac ttg cgc aaa atg gta gaa acc aac   643
Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys Met Val Glu Thr Asn
                170                 175                 180
cca acg gat gtg gct gct atc ttc ctc gag cca atc cag ggt gaa acg   691
Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro Ile Gln Gly Glu Thr

            185                 190                 195
ggc gtt gtt cca gca cct gaa gga ttc ctc aag gca gtg cgc gag ctg   739
Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys Ala Val Arg Glu Leu
        200                 205                 210
tgc gat gag tac ggc atc ttg atg atc acc gat gaa gtc cag act ggc   787
Cys Asp Glu Tyr Gly Ile Leu Met Ile Thr Asp Glu Val Gln Thr Gly
    215                 220                 225
gtt ggc cgt acc ggc gat ttc ttt gca cat cag cac gat ggc gtt gtt   835

Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln His Asp Gly Val Val
230                 235                 240                 245
ccc gat gtg gtg acc atg gcc aag gga ctt ggc ggc ggt ctt ccc atc   883
Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly Gly Gly Leu Pro Ile
                250                 255                 260
ggt gct tgt ttg gcc act ggc cgt gca gct gaa ttg atg acc cca ggc   931
Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu Leu Met Thr Pro Gly
            265                 270                 275

aag cac ggc acc act ttc ggt ggc aac cca gtt gct tgt gca gct gcc   979
Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala
        280                 285                 290
aag gca gtg ctg tct gtt gtc gat gac gct ttc tgc gca gaa gtt gcc   1027
Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe Cys Ala Glu Val Ala
    295                 300                 305
cgc aag ggc gag ctg ttc aag gaa ctt ctt gcc aag gtt gac ggc gtt   1075
```

```
Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala Lys Val Asp Gly Val

310                 315                 320                 325
gta gac gtc cgt ggc agg ggc ttg atg ttg ggc gtg gtg ctg gag cgc   1123
Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly Val Val Leu Glu Arg
                330                 335                 340
gac gtc gca aag caa gct gtt ctt gat ggt ttt aag cac ggc gtt att   1171
Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe Lys His Gly Val Ile
            345                 350                 355
ttg aat gca ccg gcg gac aac att atc cgt ttg acc ccg ccg ctg gtg   1219

Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu Thr Pro Pro Leu Val
        360                 365                 370
atc acc gac gaa gaa atc gca gac gca gtc aag gct att gcc gag aca   1267
Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys Ala Ile Ala Glu Thr
    375                 380                 385
atc gca taaaggactc aaacttatga ctt                                1296
Ile Ala
390
<210> 58
<211> 391
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 58

Met Ser Thr Leu Glu Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly
  1               5                  10                  15
Thr Pro Pro Val Glu Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp
             20                  25                  30
Asp Gln Gly Asn Val Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn
         35                  40                  45
Ala Leu Gly His Ala His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln
     50                  55                  60

Ile Gly Gln Leu Gly His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val
 65                  70                  75                  80
Val Glu Val Ala Glu Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala
                 85                  90                  95
Thr Leu Ala Ala Gln Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu
            100                 105                 110
Ala Asn Glu Ala Ala Phe Lys Ile Ala Arg Leu Thr Gly Arg Ser Arg
        115                 120                 125

Ile Leu Ala Ala Val His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu
    130                 135                 140
Ala Leu Thr Gly Gln Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro
145                 150                 155                 160
Ser Gly Val Glu Phe Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys
                165                 170                 175
Met Val Glu Thr Asn Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro
            180                 185                 190

Ile Gln Gly Glu Thr Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys
        195                 200                 205
Ala Val Arg Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Ile Leu Met Ile Thr Asp
    210                 215                 220
Glu Val Gln Thr Gly Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln
```

```
225                 230                 235                 240
His Asp Gly Val Val Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly
                245                 250                 255

Gly Gly Leu Pro Ile Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu
            260                 265                 270
Leu Met Thr Pro Gly Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val
        275                 280                 285
Ala Cys Ala Ala Ala Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe
    290                 295                 300
Cys Ala Glu Val Ala Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala
305                 310                 315                 320

Lys Val Asp Gly Val Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly
                325                 330                 335
Val Val Leu Glu Arg Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe
            340                 345                 350
Lys His Gly Val Ile Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu
        355                 360                 365
Thr Pro Pro Leu Val Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys
    370                 375                 380

Ala Ile Ala Glu Thr Ile Ala
385                 390
<210> 59
<211> 1008
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(985)
<223> RXC00733
<400> 59
acggcgaggt tgtcggtatt ggaacgcaca cgaatttgct gaacacgtgc ggtacctacc 60
gtgaaattgt tgaatcccaa gagactgcgc aggcgcaatc atg agt aat act gca   115
                                            Met Ser Asn Thr Ala
                                              1               5
ggc ccc cgc ggg cgt tcc cat cag gca gac gcc gcg ccg aat caa aag   163
Gly Pro Arg Gly Arg Ser His Gln Ala Asp Ala Ala Pro Asn Gln Lys
                10                  15                  20

gca cag aat ttc gga cca tct gcc aaa agg ctt ttc gga att cta ggc   211
Ala Gln Asn Phe Gly Pro Ser Ala Lys Arg Leu Phe Gly Ile Leu Gly
            25                  30                  35
cat gac cgt aac acc tta att ttt gtt atc ttc cta gcc gtc ctg agc   259
His Asp Arg Asn Thr Leu Ile Phe Val Ile Phe Leu Ala Val Leu Ser
        40                  45                  50
gtt gga ctt acc gtc ttg ggc cca tgg ttg ctg ggt aaa gcc acc aac   307
Val Gly Leu Thr Val Leu Gly Pro Trp Leu Leu Gly Lys Ala Thr Asn

    55                  60                  65
gtg gtg ttt gaa gga ttc cta tct aag cgc atg ccg gct ggt gcg tca   355
Val Val Phe Glu Gly Phe Leu Ser Lys Arg Met Pro Ala Gly Ala Ser
 70                  75                  80                  85
aag gaa gat atc atc gcg cag ttg cag gct gca ggt aaa cat aat cag   403
Lys Glu Asp Ile Ile Ala Gln Leu Gln Ala Ala Gly Lys His Asn Gln
```

```
                90                  95                 100
gct tcc atg atg gaa gac atg aac ctt gtt cca ggc tca ggc att gat   451

Ala Ser Met Met Glu Asp Met Asn Leu Val Pro Gly Ser Gly Ile Asp
            105                 110                 115
ttt gaa aaa tta gcc atg atc ctc gga ctg gtg atc ggt gct tat ctc   499
Phe Glu Lys Leu Ala Met Ile Leu Gly Leu Val Ile Gly Ala Tyr Leu
        120                 125                 130
atc ggt agc ctg ttg tcg ttg ttc cag gcg cgg atg ctc aac cgc atc   547
Ile Gly Ser Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ala Arg Met Leu Asn Arg Ile
    135                 140                 145

gtg caa agt gcc atg cac cgg ctg cgc atg gag gtg gag gaa aaa atc   595
Val Gln Ser Ala Met His Arg Leu Arg Met Glu Val Glu Glu Lys Ile
150                 155                 160                 165
cac cgc cta ccg ctg agc tat ttc gat tcc atc aaa cgt ggt gat ctg   643
His Arg Leu Pro Leu Ser Tyr Phe Asp Ser Ile Lys Arg Gly Asp Leu
                170                 175                 180
ctt agc cgt gtg acc aac gat gtg gat aat atc ggt caa tcc ctg caa   691
Leu Ser Arg Val Thr Asn Asp Val Asp Asn Ile Gly Gln Ser Leu Gln

            185                 190                 195
caa acc ttg tca cag gcg atc act tcc cta ctg acc gtc atc ggt gtg   739
Gln Thr Leu Ser Gln Ala Ile Thr Ser Leu Leu Thr Val Ile Gly Val
        200                 205                 210
ttg gtg atg atg ttt atc atc tcc cca ctg ctc gca ctc gtg gcg ctg   787
Leu Val Met Met Phe Ile Ile Ser Pro Leu Leu Ala Leu Val Ala Leu
    215                 220                 225
gta tcc att ccg gtc acc atc gtg gtc act gtg gtg gtt gcg agc cgt   835

Val Ser Ile Pro Val Thr Ile Val Val Thr Val Val Val Ala Ser Arg
230                 235                 240                 245
tcc cag aaa ctc ttt gcg gaa cag tgg aag cag acc ggt att ttg aat   883
Ser Gln Lys Leu Phe Ala Glu Gln Trp Lys Gln Thr Gly Ile Leu Asn
                250                 255                 260
gcg cgc ctg gag gaa acc tac tct ggc cac gcc gtg gtt aag gtt ttc   931
Ala Arg Leu Glu Glu Thr Tyr Ser Gly His Ala Val Val Lys Val Phe
            265                 270                 275

gga cac caa aag gat gtt caa gaa gca ttc gag gaa gaa aat caa gct   979
Gly His Gln Lys Asp Val Gln Glu Ala Phe Glu Glu Glu Asn Gln Ala
        280                 285                 290
tgt gta taaggccagc tttggtgccc agt                                1008
Cys Val
    295
<210> 60
<211> 295
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 60
Met Ser Asn Thr Ala Gly Pro Arg Gly Arg Ser His Gln Ala Asp Ala
  1               5                  10                  15
Ala Pro Asn Gln Lys Ala Gln Asn Phe Gly Pro Ser Ala Lys Arg Leu

             20                  25                  30
Phe Gly Ile Leu Gly His Asp Arg Asn Thr Leu Ile Phe Val Ile Phe
         35                  40                  45
```

```
Leu Ala Val Leu Ser Val Gly Leu Thr Val Leu Gly Pro Trp Leu Leu
     50                  55                  60
Gly Lys Ala Thr Asn Val Val Phe Glu Gly Phe Leu Ser Lys Arg Met
 65                  70                  75                  80
Pro Ala Gly Ala Ser Lys Glu Asp Ile Ile Ala Gln Leu Gln Ala Ala

                85                  90                  95
Gly Lys His Asn Gln Ala Ser Met Met Glu Asp Met Asn Leu Val Pro
            100                 105                 110
Gly Ser Gly Ile Asp Phe Glu Lys Leu Ala Met Ile Leu Gly Leu Val
        115                 120                 125
Ile Gly Ala Tyr Leu Ile Gly Ser Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ala Arg
    130                 135                 140
Met Leu Asn Arg Ile Val Gln Ser Ala Met His Arg Leu Arg Met Glu

145                 150                 155                 160
Val Glu Glu Lys Ile His Arg Leu Pro Leu Ser Tyr Phe Asp Ser Ile
                165                 170                 175
Lys Arg Gly Asp Leu Leu Ser Arg Val Thr Asn Asp Val Asp Asn Ile
            180                 185                 190
Gly Gln Ser Leu Gln Gln Thr Leu Ser Gln Ala Ile Thr Ser Leu Leu
        195                 200                 205
Thr Val Ile Gly Val Leu Val Met Met Phe Ile Ile Ser Pro Leu Leu

    210                 215                 220
Ala Leu Val Ala Leu Val Ser Ile Pro Val Thr Ile Val Val Thr Val
225                 230                 235                 240
Val Val Ala Ser Arg Ser Gln Lys Leu Phe Ala Glu Gln Trp Lys Gln
                245                 250                 255
Thr Gly Ile Leu Asn Ala Arg Leu Glu Glu Thr Tyr Ser Gly His Ala
            260                 265                 270
Val Val Lys Val Phe Gly His Gln Lys Asp Val Gln Glu Ala Phe Glu

        275                 280                 285
Glu Glu Asn Gln Ala Cys Val
    290                 295
<210> 61
<211> 426
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(426)
<223> RXC00861
<400> 61
atg gct cct cac aag gtc atg ctg att acc act ggt act cag ggt gag   48
Met Ala Pro His Lys Val Met Leu Ile Thr Thr Gly Thr Gln Gly Glu
  1               5                  10                  15
cct atg gct gcg ctg tct cgc atg gcg cgt cgt gag cac cga cag atc   96
Pro Met Ala Ala Leu Ser Arg Met Ala Arg Arg Glu His Arg Gln Ile
             20                  25                  30
act gtc cgt gat gga gac ttg att atc ctt tct tcc tcc ctg gtt cca   144

Thr Val Arg Asp Gly Asp Leu Ile Ile Leu Ser Ser Ser Leu Val Pro
         35                  40                  45
ggt aac gaa gaa gca gtg ttc ggt gtc atc aac atg ctg gct cag atc   192
```

```
Gly Asn Glu Glu Ala Val Phe Gly Val Ile Asn Met Leu Ala Gln Ile
     50                  55                  60
ggt gca act gtt gtt acc ggt cgc gac gcc aag gtg cac acc tcg ggc   240
Gly Ala Thr Val Val Thr Gly Arg Asp Ala Lys Val His Thr Ser Gly
 65                  70                  75                  80

cac ggc tac tcc gga gag ctg ttg ttc ttg tac aac gcc gct cgt ccg   288
His Gly Tyr Ser Gly Glu Leu Leu Phe Leu Tyr Asn Ala Ala Arg Pro
                 85                  90                  95
aag aac gct atg cct gtc cac ggc gag tgg cgc cac ctg cgc gcc aac   336
Lys Asn Ala Met Pro Val His Gly Glu Trp Arg His Leu Arg Ala Asn
            100                 105                 110
aag gaa ctg gct atc tcc act ggt gtt aac cgc gac aac gtt gtg ctt   384
Lys Glu Leu Ala Ile Ser Thr Gly Val Asn Arg Asp Asn Val Val Leu

        115                 120                 125
gca caa aac ggt gtt gtg gtt gat atg gtc aac ggt cgc gca           426
Ala Gln Asn Gly Val Val Val Asp Met Val Asn Gly Arg Ala
    130                 135                 140
<210> 62
<211> 142
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 62
Met Ala Pro His Lys Val Met Leu Ile Thr Thr Gly Thr Gln Gly Glu
  1               5                  10                  15
Pro Met Ala Ala Leu Ser Arg Met Ala Arg Arg Glu His Arg Gln Ile

            20                  25                  30
Thr Val Arg Asp Gly Asp Leu Ile Ile Leu Ser Ser Ser Leu Val Pro
         35                  40                  45
Gly Asn Glu Glu Ala Val Phe Gly Val Ile Asn Met Leu Ala Gln Ile
     50                  55                  60
Gly Ala Thr Val Val Thr Gly Arg Asp Ala Lys Val His Thr Ser Gly
 65                  70                  75                  80
His Gly Tyr Ser Gly Glu Leu Leu Phe Leu Tyr Asn Ala Ala Arg Pro

                 85                  90                  95
Lys Asn Ala Met Pro Val His Gly Glu Trp Arg His Leu Arg Ala Asn
            100                 105                 110
Lys Glu Leu Ala Ile Ser Thr Gly Val Asn Arg Asp Asn Val Val Leu
        115                 120                 125
Ala Gln Asn Gly Val Val Val Asp Met Val Asn Gly Arg Ala
    130                 135                 140
<210> 63
<211> 1066
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1066)
<223> RXC00866
<400> 63
gcatcaacgt aggagatcct cgacttccaa ttatggctcc aaatgagcag gaacttgagg 60
ctctccgaga agacatgaaa aaagctggag ttctataaat atg aat gat tcc cga   115
                                              Met Asn Asp Ser Arg
```

```
                                                  1               5
aat cgc ggc cgg aag gtt acc cgc aag gcg ggc cca cca gaa gct ggt   163
Asn Arg Gly Arg Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly Pro Pro Glu Ala Gly
                10                  15                  20

cag gaa aac cat ctg gat acc cct gtc ttt cag gca cca gat gct tcc   211
Gln Glu Asn His Leu Asp Thr Pro Val Phe Gln Ala Pro Asp Ala Ser
            25                  30                  35
tct aac cag agc gct gta aaa gct gag acc gcc gga aac gac aat cgg   259
Ser Asn Gln Ser Ala Val Lys Ala Glu Thr Ala Gly Asn Asp Asn Arg
        40                  45                  50
gat gct gcg caa ggt gct caa gga tcc caa gat tct cag ggt tcc cag   307
Asp Ala Ala Gln Gly Ala Gln Gly Ser Gln Asp Ser Gln Gly Ser Gln

    55                  60                  65
aac gct caa ggt tcc cag aac cgc gag tcc gga aac aac aac cgc aac   355
Asn Ala Gln Gly Ser Gln Asn Arg Glu Ser Gly Asn Asn Asn Arg Asn
70                  75                  80                  85
cgt tcc aac aac aac cgt cgc ggt ggt cgt gga cgt cgt gga tcc gga   403
Arg Ser Asn Asn Asn Arg Arg Gly Gly Arg Gly Arg Arg Gly Ser Gly
                90                  95                  100
aac gcc aat gag ggc gcg aac aac aac agc ggt aac cag aac cgt cag   451

Asn Ala Asn Glu Gly Ala Asn Asn Asn Ser Gly Asn Gln Asn Arg Gln
            105                 110                 115
ggc gga aac cgt ggc aac cgc ggt ggc gga cgc cga aac gtt gtt aag   499
Gly Gly Asn Arg Gly Asn Arg Gly Gly Gly Arg Arg Asn Val Val Lys
        120                 125                 130
tcg atg cag ggt gcg gat ctg acc cag cgc ctg cca gag cca cca aag   547
Ser Met Gln Gly Ala Asp Leu Thr Gln Arg Leu Pro Glu Pro Pro Lys
    135                 140                 145

gca ccg gca aac ggt ctg cgt att tac gca ctt ggt ggc att tcc gaa   595
Ala Pro Ala Asn Gly Leu Arg Ile Tyr Ala Leu Gly Gly Ile Ser Glu
150                 155                 160                 165
atc ggt cgc aac atg acc gtg ttt gag tac aac aac cgt ctg ctc atc   643
Ile Gly Arg Asn Met Thr Val Phe Glu Tyr Asn Asn Arg Leu Leu Ile
                170                 175                 180
gtg gac tgt ggt gtg ctc ttc cca tct tca ggt gag cca ggc gtt gac   691
Val Asp Cys Gly Val Leu Phe Pro Ser Ser Gly Glu Pro Gly Val Asp

            185                 190                 195
ctg att ctt cct gac ttc ggc cca att gag gat cac ctg cac cgc gtc   739
Leu Ile Leu Pro Asp Phe Gly Pro Ile Glu Asp His Leu His Arg Val
        200                 205                 210
gat gca ttg gtg gtt act cac gga cac gaa gac cac att ggt gct att   787
Asp Ala Leu Val Val Thr His Gly His Glu Asp His Ile Gly Ala Ile
    215                 220                 225
ccc tgg ctg ctg aag ctg cgc aac gat atc cca atc ttg gca tcc cgt   835

Pro Trp Leu Leu Lys Leu Arg Asn Asp Ile Pro Ile Leu Ala Ser Arg
230                 235                 240                 245
ttc acc ttg gct ctg att gca gct aag tgt aag gaa cac cgt cag cgt   883
Phe Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Lys Cys Lys Glu His Arg Gln Arg
                250                 255                 260
ccg aag ctg atc gag gtc aac gag cag tcc aat gag gac cgc gga ccg   931
Pro Lys Leu Ile Glu Val Asn Glu Gln Ser Asn Glu Asp Arg Gly Pro
```

```
            265                 270                 275

ttc aac att cgc ttc tgg gct gtt aac cac tcc atc cca gac tgc ctt   979
Phe Asn Ile Arg Phe Trp Ala Val Asn His Ser Ile Pro Asp Cys Leu
        280                 285                 290
ggt ctt gct atc aag act cct gct ggt ttg gtc atc cac acc ggt gac   1027
Gly Leu Ala Ile Lys Thr Pro Ala Gly Leu Val Ile His Thr Gly Asp
    295                 300                 305
atc aag ctg gat cag act cct cct gat gga cgc cca act               1066
Ile Lys Leu Asp Gln Thr Pro Pro Asp Gly Arg Pro Thr

310                 315                 320
<210> 64
<211> 322
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 64
Met Asn Asp Ser Arg Asn Arg Gly Arg Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly
  1               5                  10                  15
Pro Pro Glu Ala Gly Gln Glu Asn His Leu Asp Thr Pro Val Phe Gln
            20                  25                  30
Ala Pro Asp Ala Ser Ser Asn Gln Ser Ala Val Lys Ala Glu Thr Ala
         35                  40                  45

Gly Asn Asp Asn Arg Asp Ala Ala Gln Gly Ala Gln Gly Ser Gln Asp
     50                  55                  60
Ser Gln Gly Ser Gln Asn Ala Gln Gly Ser Gln Asn Arg Glu Ser Gly
 65                  70                  75                  80
Asn Asn Asn Arg Asn Arg Ser Asn Asn Asn Arg Arg Gly Gly Arg Gly
                85                  90                  95
Arg Arg Gly Ser Gly Asn Ala Asn Glu Gly Ala Asn Asn Asn Ser Gly
            100                 105                 110

Asn Gln Asn Arg Gln Gly Gly Asn Arg Gly Asn Arg Gly Gly Gly Arg
        115                 120                 125
Arg Asn Val Val Lys Ser Met Gln Gly Ala Asp Leu Thr Gln Arg Leu
    130                 135                 140
Pro Glu Pro Pro Lys Ala Pro Ala Asn Gly Leu Arg Ile Tyr Ala Leu
145                 150                 155                 160
Gly Gly Ile Ser Glu Ile Gly Arg Asn Met Thr Val Phe Glu Tyr Asn
                165                 170                 175

Asn Arg Leu Leu Ile Val Asp Cys Gly Val Leu Phe Pro Ser Ser Gly
            180                 185                 190
Glu Pro Gly Val Asp Leu Ile Leu Pro Asp Phe Gly Pro Ile Glu Asp
        195                 200                 205
His Leu His Arg Val Asp Ala Leu Val Val Thr His Gly His Glu Asp
    210                 215                 220
His Ile Gly Ala Ile Pro Trp Leu Leu Lys Leu Arg Asn Asp Ile Pro
225                 230                 235                 240

Ile Leu Ala Ser Arg Phe Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Lys Cys Lys
                245                 250                 255
Glu His Arg Gln Arg Pro Lys Leu Ile Glu Val Asn Glu Gln Ser Asn
            260                 265                 270
Glu Asp Arg Gly Pro Phe Asn Ile Arg Phe Trp Ala Val Asn His Ser
        275                 280                 285
```

```
Ile Pro Asp Cys Leu Gly Leu Ala Ile Lys Thr Pro Ala Gly Leu Val
    290                 295                 300

Ile His Thr Gly Asp Ile Lys Leu Asp Gln Thr Pro Pro Asp Gly Arg
305                 310                 315                 320
Pro Thr
<210> 65
<211> 1527
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1504)
<223> RXC02095
<400> 65
ctctcttggt cctctcccca cccattttta agtactcaag acccttccaa cagaaaggat 60
tactccccca acaggctcaa aaatactgaa aggctcacgc atg aaa act gag caa   115
                                          Met Lys Thr Glu Gln
                                            1               5
tcc caa aaa gca caa tta gcc cct aag aaa gca cct gaa aag cca caa   163
Ser Gln Lys Ala Gln Leu Ala Pro Lys Lys Ala Pro Glu Lys Pro Gln
                10                  15                  20

cgc atc cgc caa ctt att tcc gtg gcg tgg cag cga cct tgg ctc acc   211
Arg Ile Arg Gln Leu Ile Ser Val Ala Trp Gln Arg Pro Trp Leu Thr
            25                  30                  35
tca ttc acc gta atc agc gct tta gct gca acg ttg ttt gaa ctt aca   259
Ser Phe Thr Val Ile Ser Ala Leu Ala Ala Thr Leu Phe Glu Leu Thr
        40                  45                  50
ctt cct ctt ttg acc ggt ggc gcc atc gat atc gcg ctc gga aat acc   307
Leu Pro Leu Leu Thr Gly Gly Ala Ile Asp Ile Ala Leu Gly Asn Thr

    55                  60                  65
gga gat act tta acc act gac ctg ctg gac cgg ttc act ccg agt gga   355
Gly Asp Thr Leu Thr Thr Asp Leu Leu Asp Arg Phe Thr Pro Ser Gly
 70                  75                  80                  85
tta agc gtg ttg acc agc gtc att gcc ctt atc gtg ctt ctc gcg ttg   403
Leu Ser Val Leu Thr Ser Val Ile Ala Leu Ile Val Leu Leu Ala Leu
                90                  95                  100
ctt cgc tat gcc agt caa ttt gga cgg cga tac acc gca ggc aag ctc   451

Leu Arg Tyr Ala Ser Gln Phe Gly Arg Arg Tyr Thr Ala Gly Lys Leu
            105                 110                 115
agc atg ggg gta cag cat gat gtc cgg ctt aaa acg atg cgc tca ttg   499
Ser Met Gly Val Gln His Asp Val Arg Leu Lys Thr Met Arg Ser Leu
        120                 125                 130
cag aac ctc gat ggg cca ggt cag gac tct att cgc aca ggc caa gta   547
Gln Asn Leu Asp Gly Pro Gly Gln Asp Ser Ile Arg Thr Gly Gln Val
    135                 140                 145

gtc agt cgg tcc att tcg gat atc aac atg gtg caa agc ctt gtg gcg   595
Val Ser Arg Ser Ile Ser Asp Ile Asn Met Val Gln Ser Leu Val Ala
150                 155                 160                 165
atg ttg ccg atg ttg atc gga aat gtg gtc aag ctt gtg ctc act ttg   643
Met Leu Pro Met Leu Ile Gly Asn Val Val Lys Leu Val Leu Thr Leu
                170                 175                 180
```

```
gtg atc atg ctg gct att tcc ccg ccg ctg acc atc atc gct gca gtg   691
Val Ile Met Leu Ala Ile Ser Pro Pro Leu Thr Ile Ile Ala Ala Val

            185                 190                 195
ttg gtg cct ttg ctg ttg tgg gcc gtg gcc tat tcg cga aaa gcg ctt   739
Leu Val Pro Leu Leu Leu Trp Ala Val Ala Tyr Ser Arg Lys Ala Leu
        200                 205                 210
ttt gcg tcc acg tgg tcg gcc cag caa aag gct gcg gat ctg acc act   787
Phe Ala Ser Thr Trp Ser Ala Gln Gln Lys Ala Ala Asp Leu Thr Thr
    215                 220                 225
cat gtg gaa gaa act gtc acg ggt atc cgc gtg gtc aag gca ttt gcg   835

His Val Glu Glu Thr Val Thr Gly Ile Arg Val Val Lys Ala Phe Ala
230                 235                 240                 245
cag gaa gac cgc gag acc gac aaa ttg gat ctc acc gca cgt gag tta   883
Gln Glu Asp Arg Glu Thr Asp Lys Leu Asp Leu Thr Ala Arg Glu Leu
                250                 255                 260
ttt gcc cag cgc atg cgc act gca cgt ctg acg gca aag ttc atc ccc   931
Phe Ala Gln Arg Met Arg Thr Ala Arg Leu Thr Ala Lys Phe Ile Pro
            265                 270                 275

atg gtt gag cag ctt ccg cag ctt gct ttg gtg gtc aac att gtt ggc   979
Met Val Glu Gln Leu Pro Gln Leu Ala Leu Val Val Asn Ile Val Gly
        280                 285                 290
ggt ggc tat ttg gcc atg act ggt cac atc acg gtg ggc acg ttt gtg   1027
Gly Gly Tyr Leu Ala Met Thr Gly His Ile Thr Val Gly Thr Phe Val
    295                 300                 305
gcg ttt tct tcc tat ctc act agc ttg tcg gcg gtg gct agg tcc ctg   1075
Ala Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Ser Leu Ser Ala Val Ala Arg Ser Leu

310                 315                 320                 325
tcg ggc atg ctc atg cgc gtg cag ttg gcg ctg tct tct gtg gag cgc   1123
Ser Gly Met Leu Met Arg Val Gln Leu Ala Leu Ser Ser Val Glu Arg
                330                 335                 340
atc ttt gaa gtc att gat ctt cag cct gaa cgc acc gat cct gca cac   1171
Ile Phe Glu Val Ile Asp Leu Gln Pro Glu Arg Thr Asp Pro Ala His
            345                 350                 355
ccc ctg tca ctt ccc gac act ccc ctg ggt ctg tcg ttc aac aac gta   1219

Pro Leu Ser Leu Pro Asp Thr Pro Leu Gly Leu Ser Phe Asn Asn Val
        360                 365                 370
gat ttc cgt ggg att ctc aac ggt ttt gag ctg ggt gtt cag gcc ggt   1267
Asp Phe Arg Gly Ile Leu Asn Gly Phe Glu Leu Gly Val Gln Ala Gly
    375                 380                 385
gaa acc gtt gtg ttg gtg ggc cct cca ggt tca ggc aag acc atg gct   1315
Glu Thr Val Val Leu Val Gly Pro Pro Gly Ser Gly Lys Thr Met Ala
390                 395                 400                 405

gtg cag ctt gct gga aac ttt tat caa cca gac agc ggc cac atc gcc   1363
Val Gln Leu Ala Gly Asn Phe Tyr Gln Pro Asp Ser Gly His Ile Ala
                410                 415                 420
ttt gat agc aac ggc cat cgc act cgc ttc gac gac ctc acc cac agc   1411
Phe Asp Ser Asn Gly His Arg Thr Arg Phe Asp Asp Leu Thr His Ser
            425                 430                 435
gat atc cgc agg aat ctc atc gcg gtt ttt gat gag ccg ttc ttg tac   1459
Asp Ile Arg Arg Asn Leu Ile Ala Val Phe Asp Glu Pro Phe Leu Tyr
```

```
        440                 445                 450
tcc tcc tcc ata ccg cga gaa cat ctc gat ggg ttt gga tgt cag       1504
Ser Ser Ser Ile Pro Arg Glu His Leu Asp Gly Phe Gly Cys Gln
    455                 460                 465
tgatgagcag atcgaacacg cag                                         1527
<210> 66
<211> 468
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 66
Met Lys Thr Glu Gln Ser Gln Lys Ala Gln Leu Ala Pro Lys Lys Ala
  1               5                  10                  15

Pro Glu Lys Pro Gln Arg Ile Arg Gln Leu Ile Ser Val Ala Trp Gln
             20                  25                  30
Arg Pro Trp Leu Thr Ser Phe Thr Val Ile Ser Ala Leu Ala Ala Thr
         35                  40                  45
Leu Phe Glu Leu Thr Leu Pro Leu Leu Thr Gly Gly Ala Ile Asp Ile
     50                  55                  60
Ala Leu Gly Asn Thr Gly Asp Thr Leu Thr Thr Asp Leu Leu Asp Arg
 65                  70                  75                  80

Phe Thr Pro Ser Gly Leu Ser Val Leu Thr Ser Val Ile Ala Leu Ile
                 85                  90                  95
Val Leu Leu Ala Leu Leu Arg Tyr Ala Ser Gln Phe Gly Arg Arg Tyr
            100                 105                 110
Thr Ala Gly Lys Leu Ser Met Gly Val Gln His Asp Val Arg Leu Lys
        115                 120                 125
Thr Met Arg Ser Leu Gln Asn Leu Asp Gly Pro Gly Gln Asp Ser Ile
    130                 135                 140

Arg Thr Gly Gln Val Val Ser Arg Ser Ile Ser Asp Ile Asn Met Val
145                 150                 155                 160
Gln Ser Leu Val Ala Met Leu Pro Met Leu Ile Gly Asn Val Val Lys
                165                 170                 175
Leu Val Leu Thr Leu Val Ile Met Leu Ala Ile Ser Pro Pro Leu Thr
            180                 185                 190
Ile Ile Ala Ala Val Leu Val Pro Leu Leu Leu Trp Ala Val Ala Tyr
        195                 200                 205

Ser Arg Lys Ala Leu Phe Ala Ser Thr Trp Ser Ala Gln Gln Lys Ala
    210                 215                 220
Ala Asp Leu Thr Thr His Val Glu Glu Thr Val Thr Gly Ile Arg Val
225                 230                 235                 240
Val Lys Ala Phe Ala Gln Glu Asp Arg Glu Thr Asp Lys Leu Asp Leu
                245                 250                 255
Thr Ala Arg Glu Leu Phe Ala Gln Arg Met Arg Thr Ala Arg Leu Thr
            260                 265                 270

Ala Lys Phe Ile Pro Met Val Glu Gln Leu Pro Gln Leu Ala Leu Val
        275                 280                 285
Val Asn Ile Val Gly Gly Gly Tyr Leu Ala Met Thr Gly His Ile Thr
    290                 295                 300
Val Gly Thr Phe Val Ala Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Ser Leu Ser Ala
305                 310                 315                 320
Val Ala Arg Ser Leu Ser Gly Met Leu Met Arg Val Gln Leu Ala Leu
```

```
                325                 330                 335

Ser Ser Val Glu Arg Ile Phe Glu Val Ile Asp Leu Gln Pro Glu Arg
            340                 345                 350
Thr Asp Pro Ala His Pro Leu Ser Leu Pro Asp Thr Pro Leu Gly Leu
        355                 360                 365
Ser Phe Asn Asn Val Asp Phe Arg Gly Ile Leu Asn Gly Phe Glu Leu
    370                 375                 380
Gly Val Gln Ala Gly Glu Thr Val Val Leu Val Gly Pro Pro Gly Ser
385                 390                 395                 400

Gly Lys Thr Met Ala Val Gln Leu Ala Gly Asn Phe Tyr Gln Pro Asp
                405                 410                 415
Ser Gly His Ile Ala Phe Asp Ser Asn Gly His Arg Thr Arg Phe Asp
            420                 425                 430
Asp Leu Thr His Ser Asp Ile Arg Arg Asn Leu Ile Ala Val Phe Asp
        435                 440                 445
Glu Pro Phe Leu Tyr Ser Ser Ser Ile Pro Arg Glu His Leu Asp Gly
    450                 455                 460

Phe Gly Cys Gln
465
<210> 67
<211> 295
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (84)..(272)
<223> RXC03185
<400> 67
agcgcccaac cgttcagacc agcggtttct ctgaggatgc aaagtccatg atgggtnagg 60
tcactgagct gtccgaaacc acc atg aat gat ctt gca gct gaa ggt gaa aac 113
                        Met Asn Asp Leu Ala Ala Glu Gly Glu Asn
                         1               5                  10
gat cct tac cgc atg gtt cag cag ctg cgc cgc aag ctc tct cgc ttc   161
Asp Pro Tyr Arg Met Val Gln Gln Leu Arg Arg Lys Leu Ser Arg Phe
                15                  20                  25

gtc gag cag aag tgg aag cgc cag ccg gtc atc atg cca acc gtc att   209
Val Glu Gln Lys Trp Lys Arg Gln Pro Val Ile Met Pro Thr Val Ile
            30                  35                  40
ccg atg act gcg gaa acc acg cac atc ggt gac gat gag gtt cgc gct   257
Pro Met Thr Ala Glu Thr Thr His Ile Gly Asp Asp Glu Val Arg Ala
        45                  50                  55
tca cgc gag tcc ctg taaaagcatt tcgcttttcg acg                     295
Ser Arg Glu Ser Leu
    60

<210> 68
<211> 63
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 68
Met Asn Asp Leu Ala Ala Glu Gly Glu Asn Asp Pro Tyr Arg Met Val
  1               5                  10                  15
```

```
Gln Gln Leu Arg Arg Lys Leu Ser Arg Phe Val Glu Gln Lys Trp Lys
            20                  25                  30
Arg Gln Pro Val Ile Met Pro Thr Val Ile Pro Met Thr Ala Glu Thr
        35                  40                  45
Thr His Ile Gly Asp Asp Glu Val Arg Ala Ser Arg Glu Ser Leu

    50                  55                  60
<210> 69
<211> 1170
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1147)
<223> RXA00115
<400> 69
tggattctcg agtctgtaca cccttgatca aagcccgagt gttccgtaga ttaactttgt 60
cgtatattgt gacctacacc ccatactgtt aggagttttc atg ctc gac aat agt   115
                                            Met Leu Asp Asn Ser
                                              1               5
ttt tac acc gca gag gtt cag ggc cca tac gaa acc gct tcc att ggc   163
Phe Tyr Thr Ala Glu Val Gln Gly Pro Tyr Glu Thr Ala Ser Ile Gly
                10                  15                  20

cgg ctc gaa ctc gaa gaa ggg ggt gtg att gag gat tgc tgg ttg gct   211
Arg Leu Glu Leu Glu Glu Gly Gly Val Ile Glu Asp Cys Trp Leu Ala
            25                  30                  35
tac gct aca gct gga acg ctc aac gag gac aag tcc aac gcc atc ctc   259
Tyr Ala Thr Ala Gly Thr Leu Asn Glu Asp Lys Ser Asn Ala Ile Leu
        40                  45                  50
att ccg acg tgg tac tcc gga acc cat cag acc tgg ttc cag cag tac   307
Ile Pro Thr Trp Tyr Ser Gly Thr His Gln Thr Trp Phe Gln Gln Tyr

    55                  60                  65
atc ggc act gat cat gcg ctg gat cca tca aag tat ttc atc atc tcc   355
Ile Gly Thr Asp His Ala Leu Asp Pro Ser Lys Tyr Phe Ile Ile Ser
 70                  75                  80                  85
atc aac caa atc ggt aat ggt ttg tcg gtc tcc cct gcc aac acg gct   403
Ile Asn Gln Ile Gly Asn Gly Leu Ser Val Ser Pro Ala Asn Thr Ala
                90                  95                  100
gat gac agc atc tcg atg tcc aag ttc ccg aat gtt cgc att ggt gat   451

Asp Asp Ser Ile Ser Met Ser Lys Phe Pro Asn Val Arg Ile Gly Asp
            105                 110                 115
gat gtc gtt gcc cag gac cgg ctc ttg cgc caa gag ttt ggt att acc   499
Asp Val Val Ala Gln Asp Arg Leu Leu Arg Gln Glu Phe Gly Ile Thr
        120                 125                 130
gag ctc ttt gcc gtc gtt ggt ggt tcg atg ggt gcg cag caa acc tat   547
Glu Leu Phe Ala Val Val Gly Gly Ser Met Gly Ala Gln Gln Thr Tyr
    135                 140                 145

gag tgg att gtt cgc ttc cct gac caa gtt cat cga gca gct ccg atc   595
Glu Trp Ile Val Arg Phe Pro Asp Gln Val His Arg Ala Ala Pro Ile
150                 155                 160                 165
gcg ggc act gcg aag aac act cct cat gat ttc atc ttc acc cag act   643
Ala Gly Thr Ala Lys Asn Thr Pro His Asp Phe Ile Phe Thr Gln Thr
```

```
                170                 175                 180
ctt aat gag acc gtt gag gcc gat cca ggg ttc aat ggc ggc gaa tac   691
Leu Asn Glu Thr Val Glu Ala Asp Pro Gly Phe Asn Gly Gly Glu Tyr

            185                 190                 195
tcc tcc cat gaa gag gta gct gat gga ctt cgc cgt caa tcg cat ctt   739
Ser Ser His Glu Glu Val Ala Asp Gly Leu Arg Arg Gln Ser His Leu
        200                 205                 210
tgg gct gcc atg gga ttt tcc aca gag ttc tgg aag cag gag gca tgg   787
Trp Ala Ala Met Gly Phe Ser Thr Glu Phe Trp Lys Gln Glu Ala Trp
    215                 220                 225
cgt cgc ctg gga ctt gaa agt aag gag tca gtg ctc gcg gac ttc ctg   835

Arg Arg Leu Gly Leu Glu Ser Lys Glu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu
230                 235                 240                 245
gat ccg ctg ttc atg tcc atg gat cct aat acc ttg ctc aac aac gct   883
Asp Pro Leu Phe Met Ser Met Asp Pro Asn Thr Leu Leu Asn Asn Ala
                250                 255                 260
tgg aag tgg cag cat ggc gat gtc tct cgc cac acc ggc ggc gac ttg   931
Trp Lys Trp Gln His Gly Asp Val Ser Arg His Thr Gly Gly Asp Leu
            265                 270                 275

gca gcg gct ctt ggc cga gtg aag gct aag acc ttc gtt atg ccc atc   979
Ala Ala Ala Leu Gly Arg Val Lys Ala Lys Thr Phe Val Met Pro Ile
        280                 285                 290
agc gag gac atg ttc ttt cct gtt cgt gac tgt gcc gca gaa caa gca   1027
Ser Glu Asp Met Phe Phe Pro Val Arg Asp Cys Ala Ala Glu Gln Ala
    295                 300                 305
ctc atc cca ggc agc gag ctt cga gtg atc gaa gac atc gcc ggt cac   1075
Leu Ile Pro Gly Ser Glu Leu Arg Val Ile Glu Asp Ile Ala Gly His

310                 315                 320                 325
ctt ggg ctt ttt aac gtc tct gag aat tac atc cca cag atc gac aaa   1123
Leu Gly Leu Phe Asn Val Ser Glu Asn Tyr Ile Pro Gln Ile Asp Lys
                330                 335                 340
aat ctg aaa gag ctg ttc gag agc taaacactga tgtcaaagag cct         1170
Asn Leu Lys Glu Leu Phe Glu Ser
            345
<210> 70
<211> 349
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 70
Met Leu Asp Asn Ser Phe Tyr Thr Ala Glu Val Gln Gly Pro Tyr Glu

  1               5                  10                  15
Thr Ala Ser Ile Gly Arg Leu Glu Leu Glu Glu Gly Gly Val Ile Glu
             20                  25                  30
Asp Cys Trp Leu Ala Tyr Ala Thr Ala Gly Thr Leu Asn Glu Asp Lys
         35                  40                  45
Ser Asn Ala Ile Leu Ile Pro Thr Trp Tyr Ser Gly Thr His Gln Thr
     50                  55                  60
Trp Phe Gln Gln Tyr Ile Gly Thr Asp His Ala Leu Asp Pro Ser Lys

 65                  70                  75                  80
Tyr Phe Ile Ile Ser Ile Asn Gln Ile Gly Asn Gly Leu Ser Val Ser
                 85                  90                  95
```

```
Pro Ala Asn Thr Ala Asp Asp Ser Ile Ser Met Ser Lys Phe Pro Asn
            100                 105                 110
Val Arg Ile Gly Asp Asp Val Val Ala Gln Asp Arg Leu Leu Arg Gln
        115                 120                 125
Glu Phe Gly Ile Thr Glu Leu Phe Ala Val Val Gly Gly Ser Met Gly

    130                 135                 140
Ala Gln Gln Thr Tyr Glu Trp Ile Val Arg Phe Pro Asp Gln Val His
145                 150                 155                 160
Arg Ala Ala Pro Ile Ala Gly Thr Ala Lys Asn Thr Pro His Asp Phe
                165                 170                 175
Ile Phe Thr Gln Thr Leu Asn Glu Thr Val Glu Ala Asp Pro Gly Phe
            180                 185                 190
Asn Gly Gly Glu Tyr Ser Ser His Glu Glu Val Ala Asp Gly Leu Arg

        195                 200                 205
Arg Gln Ser His Leu Trp Ala Ala Met Gly Phe Ser Thr Glu Phe Trp
    210                 215                 220
Lys Gln Glu Ala Trp Arg Arg Leu Gly Leu Glu Ser Lys Glu Ser Val
225                 230                 235                 240
Leu Ala Asp Phe Leu Asp Pro Leu Phe Met Ser Met Asp Pro Asn Thr
                245                 250                 255
Leu Leu Asn Asn Ala Trp Lys Trp Gln His Gly Asp Val Ser Arg His

            260                 265                 270
Thr Gly Gly Asp Leu Ala Ala Ala Leu Gly Arg Val Lys Ala Lys Thr
        275                 280                 285
Phe Val Met Pro Ile Ser Glu Asp Met Phe Phe Pro Val Arg Asp Cys
    290                 295                 300
Ala Ala Glu Gln Ala Leu Ile Pro Gly Ser Glu Leu Arg Val Ile Glu
305                 310                 315                 320
Asp Ile Ala Gly His Leu Gly Leu Phe Asn Val Ser Glu Asn Tyr Ile

                325                 330                 335
Pro Gln Ile Asp Lys Asn Leu Lys Glu Leu Phe Glu Ser
            340                 345
<210> 71
<211> 1254
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1231)
<223> RXN00403
<400> 71
tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60
aagttttagt cttgtccacc cagaacaggc ggttattttc atg ccc acc ctc gcg   115
                                              Met Pro Thr Leu Ala
                                                1               5
cct tca ggt caa ctt gaa atc caa gcg atc ggt gat gtc tcc acc gaa   163
Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly Asp Val Ser Thr Glu
                10                  15                  20

gcc gga gca atc att aca aac gct gaa atc gcc tat cac cgc tgg ggt   211
Ala Gly Ala Ile Ile Thr Asn Ala Glu Ile Ala Tyr His Arg Trp Gly
            25                  30                  35
```

```
gaa tac cgc gta gat aaa gaa gga cgc agc aat gtc gtt ctc atc gaa   259
Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn Val Val Leu Ile Glu
        40                  45                  50
cac gcc ctc act gga gat tcc aac gca gcc gat tgg tgg gct gac ttg   307
His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp Trp Trp Ala Asp Leu

    55                  60                  65
ctc ggt ccc ggc aaa gcc atc aac act gat att tac tgc gtg atc tgt   355
Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile Tyr Cys Val Ile Cys
70                  75                  80                  85
acc aac gtc atc ggt ggt tgc aac ggt tcc acc gga cct ggc tcc atg   403
Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr Gly Pro Gly Ser Met
                90                  95                  100
cat cca gat gga aat ttc tgg ggt aat cgc ttc ccc gcc acg tcc att   451

His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe Pro Ala Thr Ser Ile
            105                 110                 115
cgt gat cag gta aac gcc gaa aaa caa ttc ctc gac gca ctc ggc atc   499
Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu Asp Ala Leu Gly Ile
        120                 125                 130
acc acg gtc gcc gca gta ctt ggt ggt tcc atg ggt ggt gcc cgc acc   547
Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met Gly Gly Ala Arg Thr
    135                 140                 145

cta gag tgg gcc gca atg tac cca gaa act gtt ggc gca gct gct gtt   595
Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val Gly Ala Ala Ala Val
150                 155                 160                 165
ctt gca gtt tct gca cgc gcc agc gcc tgg caa atc ggc att caa tcc   643
Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln Ile Gly Ile Gln Ser
                170                 175                 180
gcc caa att aag gcg att gaa aac gac cac cac tgg cac gaa ggc aac   691
Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His Trp His Glu Gly Asn

            185                 190                 195
tac tac gaa tcc ggc tgc aac cca gcc acc gga ctc ggc gcc gcc cga   739
Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly Leu Gly Ala Ala Arg
        200                 205                 210
cgc atc gcc cac ctc acc tac cgt ggc gaa cta gaa atc gac gaa cgc   787
Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu Glu Ile Asp Glu Arg
    215                 220                 225
ttc ggc acc aaa gcc caa aag aac gaa aac cca ctc ggt ccc tac cgc   835

Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro Leu Gly Pro Tyr Arg
230                 235                 240                 245
aag ccc gac cag cgc ttc gcc gtg gaa tcc tac ttg gac tac caa gca   883
Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr Leu Asp Tyr Gln Ala
                250                 255                 260
gac aag cta gta cag cgt ttc gac gcc ggc tcc tac gtc ttg ctc acc   931
Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser Tyr Val Leu Leu Thr
            265                 270                 275

gac gcc ctc aac cgc cac gac att ggt cgc gac cgc gga ggc ctc aac   979
Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp Arg Gly Gly Leu Asn
        280                 285                 290
aag gca ctc gaa tcc atc aaa gtt cca gtc ctt gtc gca ggc gta gat   1027
Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu Val Ala Gly Val Asp
    295                 300                 305
```

```
acc gat att ttg tac ccc tac cac cag caa gaa cac ctc tcc aga aac   1075
Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu His Leu Ser Arg Asn

310                 315                 320                 325
ctg gga aat cta ctg gca atg gca aaa atc gta tcc cct gtc ggc cac   1123
Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val Ser Pro Val Gly His
                330                 335                 340
gat gct ttc ctc acc gaa agc cgc caa atg gat cgc atc gtg agg aac   1171
Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp Arg Ile Val Arg Asn
            345                 350                 355
ttc ttc agc ctc atc tcc cca gac gaa gac aac cct tcg acc tac atc   1219

Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn Pro Ser Thr Tyr Ile
        360                 365                 370
gag ttc tac atc taataggtat ttacgacaaa tag                        1254
Glu Phe Tyr Ile
    375
<210> 72
<211> 377
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 72
Met Pro Thr Leu Ala Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly
  1               5                  10                  15
Asp Val Ser Thr Glu Ala Gly Ala Ile Ile Thr Asn Ala Glu Ile Ala

             20                  25                  30
Tyr His Arg Trp Gly Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn
         35                  40                  45
Val Val Leu Ile Glu His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp
     50                  55                  60
Trp Trp Ala Asp Leu Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile
 65                  70                  75                  80
Tyr Cys Val Ile Cys Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr

                 85                  90                  95
Gly Pro Gly Ser Met His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe
            100                 105                 110
Pro Ala Thr Ser Ile Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu
        115                 120                 125
Asp Ala Leu Gly Ile Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met
    130                 135                 140
Gly Gly Ala Arg Thr Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val

145                 150                 155                 160
Gly Ala Ala Ala Val Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln
                165                 170                 175
Ile Gly Ile Gln Ser Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His
            180                 185                 190
Trp His Glu Gly Asn Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly
        195                 200                 205
Leu Gly Ala Ala Arg Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu

    210                 215                 220
Glu Ile Asp Glu Arg Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro
225                 230                 235                 240
Leu Gly Pro Tyr Arg Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr
```

```
                245                 250                 255
Leu Asp Tyr Gln Ala Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser
            260                 265                 270
Tyr Val Leu Leu Thr Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp

        275                 280                 285
Arg Gly Gly Leu Asn Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu
    290                 295                 300
Val Ala Gly Val Asp Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu
305                 310                 315                 320
His Leu Ser Arg Asn Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val
                325                 330                 335
Ser Pro Val Gly His Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp

            340                 345                 350
Arg Ile Val Arg Asn Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn
        355                 360                 365
Pro Ser Thr Tyr Ile Glu Phe Tyr Ile
    370                 375
<210> 73
<211> 1210
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1210)
<223> FRXA00403
<400> 73
tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60
aagttttagt cttgtccacc cagaacaggc ggttattttc atg ccc acc ctc gcg   115
                                              Met Pro Thr Leu Ala
                                                1               5
cct tca ggt caa ctt gaa atc caa gcg atc ggt gat gtc tcc acc gaa   163
Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly Asp Val Ser Thr Glu
                10                  15                  20

gcc gga gca atc att aca aac gct gaa atc gcc tat cac cgc tgg ggt   211
Ala Gly Ala Ile Ile Thr Asn Ala Glu Ile Ala Tyr His Arg Trp Gly
            25                  30                  35
gaa tac cgc gta gat aaa gaa gga cgc agc aat gtc gtt ctc atc gaa   259
Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn Val Val Leu Ile Glu
        40                  45                  50
cac gcc ctc act gga gat tcc aac gca gcc gat tgg tgg gct gac ttg   307
His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp Trp Trp Ala Asp Leu

    55                  60                  65
ctc ggt ccc ggc aaa gcc atc aac act gat att tac tgc gtg atc tgt   355
Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile Tyr Cys Val Ile Cys
70                  75                  80                  85
acc aac gtc atc ggt ggt tgc aac ggt tcc acc gga cct ggc tcc atg   403
Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr Gly Pro Gly Ser Met
                90                  95                  100
cat cca gat gga aat ttc tgg ggt aat cgc ttc ccc gcc acg tcc att   451

His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe Pro Ala Thr Ser Ile
            105                 110                 115
```

```
cgt gat cag gta aac gcc gaa aaa caa ttc ctc gac gca ctc ggc atc   499
Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu Asp Ala Leu Gly Ile
        120                 125                 130
acc acg gtc gcc gca gta ctt ggt ggt tcc atg ggt ggt gcc cgc acc   547
Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met Gly Gly Ala Arg Thr
    135                 140                 145

cta gag tgg gcc gca atg tac cca gaa act gtt ggc gca gct gct gtt   595
Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val Gly Ala Ala Ala Val
150                 155                 160                 165
ctt gca gtt tct gca cgc gcc agc gcc tgg caa atc ggc att caa tcc   643
Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln Ile Gly Ile Gln Ser
                170                 175                 180
gcc caa att aag gcg att gaa aac gac cac cac tgg cac gaa ggc aac   691
Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His Trp His Glu Gly Asn

            185                 190                 195
tac tac gaa tcc ggc tgc aac cca gcc acc gga ctc ggc gcc gcc cga   739
Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly Leu Gly Ala Ala Arg
        200                 205                 210
cgc atc gcc cac ctc acc tac cgt ggc gaa cta gaa atc gac gaa cgc   787
Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu Glu Ile Asp Glu Arg
    215                 220                 225
ttc ggc acc aaa gcc caa aag aac gaa aac cca ctc ggt ccc tac cgc   835

Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro Leu Gly Pro Tyr Arg
230                 235                 240                 245
aag ccc gac cag cgc ttc gcc gtg gaa tcc tac ttg gac tac caa gca   883
Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr Leu Asp Tyr Gln Ala
                250                 255                 260
gac aag cta gta cag cgt ttc gac gcc ggc tcc tac gtc ttg ctc acc   931
Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser Tyr Val Leu Leu Thr
            265                 270                 275

gac gcc ctc aac cgc cac gac att ggt cgc gac cgc gga ggc ctc aac   979
Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp Arg Gly Gly Leu Asn
        280                 285                 290
aag gca ctc gaa tcc atc aaa gtt cca gtc ctt gtc gca ggc gta gat   1027
Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu Val Ala Gly Val Asp
    295                 300                 305
acc gat att ttg tac ccc tac cac cag caa gaa cac ctc tcc aga aac   1075
Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu His Leu Ser Arg Asn

310                 315                 320                 325
ctg gga aat cta ctg gca atg gca aaa atc gta tcc cct gtc ggc cac   1123
Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val Ser Pro Val Gly His
                330                 335                 340
gat gct ttc ctc acc gaa agc cgc caa atg gat cgc atc gtg agg aac   1171
Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp Arg Ile Val Arg Asn
            345                 350                 355
ttc ttc agc ctc atc tcc cca gac gaa gac aac cct tcg               1210

Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn Pro Ser
        360                 365                 370
<210> 74
<211> 370
<212> PRT
```

<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 74

```
Met Pro Thr Leu Ala Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly
  1               5                  10                  15
Asp Val Ser Thr Glu Ala Gly Ala Ile Ile Thr Asn Ala Glu Ile Ala
             20                  25                  30
Tyr His Arg Trp Gly Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn

         35                  40                  45
Val Val Leu Ile Glu His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp
     50                  55                  60
Trp Trp Ala Asp Leu Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile
 65                  70                  75                  80
Tyr Cys Val Ile Cys Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr
                 85                  90                  95
Gly Pro Gly Ser Met His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe

            100                 105                 110
Pro Ala Thr Ser Ile Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu
        115                 120                 125
Asp Ala Leu Gly Ile Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met
    130                 135                 140
Gly Gly Ala Arg Thr Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val
145                 150                 155                 160
Gly Ala Ala Ala Val Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln

                165                 170                 175
Ile Gly Ile Gln Ser Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His
            180                 185                 190
Trp His Glu Gly Asn Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly
        195                 200                 205
Leu Gly Ala Ala Arg Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu
    210                 215                 220
Glu Ile Asp Glu Arg Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro

225                 230                 235                 240
Leu Gly Pro Tyr Arg Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr
                245                 250                 255
Leu Asp Tyr Gln Ala Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser
            260                 265                 270
Tyr Val Leu Leu Thr Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp
        275                 280                 285
Arg Gly Gly Leu Asn Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu

    290                 295                 300
Val Ala Gly Val Asp Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu
305                 310                 315                 320
His Leu Ser Arg Asn Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val
                325                 330                 335
Ser Pro Val Gly His Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp
            340                 345                 350
Arg Ile Val Arg Asn Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn

        355                 360                 365
Pro Ser
    370
<210> 75
```

<211> 687
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(664)
<223> RXS03158
<400> 75

```
caaagctcac cgaaggcacc aacgccaagt tggttgttga caacaccttg gcatccccat 60
acctgcagca gccactaaaa ctcggcgcac acgcaagtcc ttg cac tcc acc acc   115
                                          Leu His Ser Thr Thr
                                            1               5
aag tac atc gaa gga cac tcc gac gtt gtt ggc ggc ctt gtg ggt acc   163
Lys Tyr Ile Glu Gly His Ser Asp Val Val Gly Gly Leu Val Gly Thr
                10                  15                  20

aac gac cag gaa atg gac gaa gaa ctg ctg ttc atg cag ggc ggc atc   211
Asn Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe Met Gln Gly Gly Ile
            25                  30                  35
gga ccg atc cca tca gtt ttc gat gca tac ctg acc gcc cgt ggc ctc   259
Gly Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Arg Gly Leu
        40                  45                  50
aag acc ctt gca gtg cgc atg gat cgc cac tgc gac aac gca gaa aag   307
Lys Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys

    55                  60                  65
atc gcg gaa ttc ctg gac tcc cgc cca gag gtc tcc acc gtg ctc tac   355
Ile Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr
 70                  75                  80                  85
cca ggt ctg aag aac cac cca ggc cac gaa gtc gca gcg aag cag atg   403
Pro Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met
                90                  95                  100
aag cgc ttc ggc ggc atg atc tcc gtc cgt ttc gca ggc ggc gaa gaa   451

Lys Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe Ala Gly Gly Glu Glu
            105                 110                 115
gca gct aag aag ttc tgt acc tcc acc aaa ctg atc tgt ctg gcc gag   499
Ala Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu Ile Cys Leu Ala Glu
        120                 125                 130
tcc ctc ggt ggc gtg gaa tcc ctc ctg gag cac cca gca acc atg acc   547
Ser Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His Pro Ala Thr Met Thr
    135                 140                 145

cac cag tca gct gcc ggc tct cag ctc gag gtt ccc cgc gac ctc gtg   595
His Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val Pro Arg Asp Leu Val
150                 155                 160                 165
cgc atc tcc att ggt att gaa gac att gaa gac ctg ctc gca gat gtc   643
Arg Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp Leu Leu Ala Asp Val
                170                 175                 180
gag cag gcc ctc aat aac ctt tagaaactat ttggcggcaa gca            687
Glu Gln Ala Leu Asn Asn Leu
            185
```

<210> 76
<211> 188
<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 76
Leu His Ser Thr Thr Lys Tyr Ile Glu Gly His Ser Asp Val Val Gly
  1   5   10   15
Gly Leu Val Gly Thr Asn Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe
             20   25   30
Met Gln Gly Gly Ile Gly Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu
         35   40   45
Thr Ala Arg Gly Leu Lys Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys

     50   55   60
Asp Asn Ala Glu Lys Ile Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val
 65   70   75   80
Ser Thr Val Leu Tyr Pro Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val
                 85   90   95
Ala Ala Lys Gln Met Lys Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe
            100   105   110
Ala Gly Gly Glu Glu Ala Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu

        115   120   125
Ile Cys Leu Ala Glu Ser Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His
    130   135   140
Pro Ala Thr Met Thr His Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val
145   150   155   160
Pro Arg Asp Leu Val Arg Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp
                165   170   175
Leu Leu Ala Asp Val Glu Gln Ala Leu Asn Asn Leu

            180   185
<210> 77
<211> 617
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(594)
<223> FRXA00254
<400> 77
cag cca cta aaa ctc ggc gca cac gca gtc ttg cac tcc acc acc aag   48
Gln Pro Leu Lys Leu Gly Ala His Ala Val Leu His Ser Thr Thr Lys
  1   5   10   15
tac atc gga gga cac tcc gac gtt gtt ggc ggc ctt gtg gtt acc aac   96
Tyr Ile Gly Gly His Ser Asp Val Val Gly Gly Leu Val Val Thr Asn
             20   25   30
gac cag gaa atg gac gaa gaa ctg ctg ttc atg cag ggc ggc atc gga   144

Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe Met Gln Gly Gly Ile Gly
         35   40   45
ccg atc cca tca gtt ttc gat gca tac ctg acc gcc cgt ggc ctc aag   192
Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Arg Gly Leu Lys
     50   55   60
acc ctt gca gtg cgc atg gat cgc cac tgc gac aac gca gaa aag atc   240
Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys Ile
 65   70   75   80

gcg gaa ttc ctg gac tcc cgc cca gag gtc tcc acc gtg ctc tac cca   288

```
Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr Pro
                85                  90                  95
ggt ctg aag aac cac cca ggc cac gaa gtc gca gcg aag cag atg aag   336
Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met Lys
            100                 105                 110
cgc ttc ggc ggc atg atc tcc gtc cgt ttc gca ggc ggc gaa gaa gca   384
Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe Ala Gly Gly Glu Glu Ala

        115                 120                 125
gct aag aag ttc tgt acc tcc acc aaa ctg atc tgt ctg gcc gag tcc   432
Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu Ile Cys Leu Ala Glu Ser
    130                 135                 140
ctc ggt ggc gtg gaa tcc ctc ctg gag cac cca gca acc atg acc cac   480
Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His Pro Ala Thr Met Thr His
145                 150                 155                 160
cag tca gct gcc ggc tct cag ctc gag gtt ccc cgc gac ctc gtg cgc   528

Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val Pro Arg Asp Leu Val Arg
                165                 170                 175
atc tcc att ggt att gaa gac att gaa gac ctg ctc gca gat gtc gag   576
Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp Leu Leu Ala Asp Val Glu
            180                 185                 190
cag gcc ctc aat aac ctt tagaaactat ttggcggcaa gca                 617
Gln Ala Leu Asn Asn Leu
        195
<210> 78
<211> 198
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 78
Gln Pro Leu Lys Leu Gly Ala His Ala Val Leu His Ser Thr Thr Lys
  1               5                  10                  15
Tyr Ile Gly Gly His Ser Asp Val Val Gly Gly Leu Val Val Thr Asn
             20                  25                  30
Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe Met Gln Gly Gly Ile Gly
         35                  40                  45
Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Arg Gly Leu Lys
     50                  55                  60

Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys Ile
 65                  70                  75                  80
Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr Pro
                85                  90                  95
Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met Lys
            100                 105                 110
Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe Ala Gly Gly Glu Glu Ala
        115                 120                 125

Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu Ile Cys Leu Ala Glu Ser
    130                 135                 140
Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His Pro Ala Thr Met Thr His
145                 150                 155                 160
Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val Pro Arg Asp Leu Val Arg
                165                 170                 175
Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp Leu Leu Ala Asp Val Glu
```

```
            180                 185                 190

Gln Ala Leu Asn Asn Leu
        195
<210> 79
<211> 1170
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1147)
<223> RXA02532
<400> 79
gatgaatttt tacccaccat ctgtacctat taaccctgcg tggcgtccac ccacagtaac 60
tgtgcaagcg ggacggccag ccagaactcc tggtgcgccg atg aac cca cct atc   115
                                           Met Asn Pro Pro Ile
                                             1               5
acg ttg tcc agc act tat gtt cat gat tca gaa aaa gct tat ggg cgc   163
Thr Leu Ser Ser Thr Tyr Val His Asp Ser Glu Lys Ala Tyr Gly Arg
                10                  15                  20

gat ggc aat gat gga tgg ggt gca ttt gag gct gcc atg gga act cta   211
Asp Gly Asn Asp Gly Trp Gly Ala Phe Glu Ala Ala Met Gly Thr Leu
            25                  30                  35
gat ggt ggg ttc gcg gta tct tat tct tca ggt ttg gca gcg gca acg   259
Asp Gly Gly Phe Ala Val Ser Tyr Ser Ser Gly Leu Ala Ala Ala Thr
         40                  45                  50
tcg att gct gat ttg gtt cct act ggt ggc aca gtt gtt tta cct aaa   307
Ser Ile Ala Asp Leu Val Pro Thr Gly Gly Thr Val Val Leu Pro Lys

     55                  60                  65
gct gcc tat tat ggc gtg acc aat att ttc gcc agg atg gaa gcc cgc   355
Ala Ala Tyr Tyr Gly Val Thr Asn Ile Phe Ala Arg Met Glu Ala Arg
 70                  75                  80                  85
gga agg ctg aag gtt cga act gtt gat gca gac aat acc gaa gaa gtg   403
Gly Arg Leu Lys Val Arg Thr Val Asp Ala Asp Asn Thr Glu Glu Val
                90                  95                  100
att gct gct gct caa ggt gca gat gtg gtg tgg gtg gaa tcg atc gct   451

Ile Ala Ala Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Trp Val Glu Ser Ile Ala
            105                 110                 115
aat ccg acg atg gtg gta gct gat atc cct gca ata gtc gac ggt gtg   499
Asn Pro Thr Met Val Val Ala Asp Ile Pro Ala Ile Val Asp Gly Val
        120                 125                 130
cgt ggg ctt gga gtt ttg act gtc gtt gac gcg act ttc gca acg cca   547
Arg Gly Leu Gly Val Leu Thr Val Val Asp Ala Thr Phe Ala Thr Pro
    135                 140                 145

ctt cgt caa cgt cca ttg gaa ctt ggt gct gat att gtg ctt tac tcg   595
Leu Arg Gln Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala Asp Ile Val Leu Tyr Ser
150                 155                 160                 165
gca acc aaa ctt atc ggt gga cac tct gat ctt ctt ctt gga gtc gca   643
Ala Thr Lys Leu Ile Gly Gly His Ser Asp Leu Leu Leu Gly Val Ala
                170                 175                 180
gtg tgc aag tct gag cac cat gcg cag ttt ctt gcc act cac cgt cat   691
```

```
Val Cys Lys Ser Glu His His Ala Gln Phe Leu Ala Thr His Arg His

            185                 190                 195
gat cat ggt tca gtg ccg gga ggt ctt gaa gcg ttt ctt gct ctc cgt   739
Asp His Gly Ser Val Pro Gly Gly Leu Glu Ala Phe Leu Ala Leu Arg
        200                 205                 210
gga ttg tat tcc ttg gcg gtg cgt ctt gat cga gca gaa tcc aac gca   787
Gly Leu Tyr Ser Leu Ala Val Arg Leu Asp Arg Ala Glu Ser Asn Ala
    215                 220                 225
gca gaa ctt tcg cgg cga ctt aac gcg cat cct tcg gtt acc cgc gtc   835

Ala Glu Leu Ser Arg Arg Leu Asn Ala His Pro Ser Val Thr Arg Val
230                 235                 240                 245
aat tat cca gga ctt cct gat gat ccc caa cat gaa aaa gcc gtg cga   883
Asn Tyr Pro Gly Leu Pro Asp Asp Pro Gln His Glu Lys Ala Val Arg
                250                 255                 260
gtc cta ccc tct gga tgt gga aac atg ttg tca ttt gag ctt gat gca   931
Val Leu Pro Ser Gly Cys Gly Asn Met Leu Ser Phe Glu Leu Asp Ala
            265                 270                 275

aca cct gaa cga act gat gag att ctc gaa agc ctg tca ctt tta acc   979
Thr Pro Glu Arg Thr Asp Glu Ile Leu Glu Ser Leu Ser Leu Leu Thr
        280                 285                 290
cac gcg acc agt tgg gga ggt gtg gaa aca gcc att gaa cgt cgc acc   1027
His Ala Thr Ser Trp Gly Gly Val Glu Thr Ala Ile Glu Arg Arg Thr
    295                 300                 305
agg cgg gat gct gaa gtg gtg gca gaa gta ccg atg act ctt tgc cgc   1075
Arg Arg Asp Ala Glu Val Val Ala Glu Val Pro Met Thr Leu Cys Arg

310                 315                 320                 325
gtt tcc gta gga att gaa gac gtt gaa gat cta tgg gaa gac ctc aac   1123
Val Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Glu Asp Leu Trp Glu Asp Leu Asn
                330                 335                 340
gcc tca atc gac aaa gtt ctg ggt tagaactcgt agccagtaac cag         1170
Ala Ser Ile Asp Lys Val Leu Gly
            345
<210> 80
<211> 349
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 80
Met Asn Pro Pro Ile Thr Leu Ser Ser Thr Tyr Val His Asp Ser Glu

  1               5                  10                  15
Lys Ala Tyr Gly Arg Asp Gly Asn Asp Gly Trp Gly Ala Phe Glu Ala
             20                  25                  30
Ala Met Gly Thr Leu Asp Gly Gly Phe Ala Val Ser Tyr Ser Ser Gly
         35                  40                  45
Leu Ala Ala Ala Thr Ser Ile Ala Asp Leu Val Pro Thr Gly Gly Thr
     50                  55                  60
Val Val Leu Pro Lys Ala Ala Tyr Tyr Gly Val Thr Asn Ile Phe Ala

 65                  70                  75                  80
Arg Met Glu Ala Arg Gly Arg Leu Lys Val Arg Thr Val Asp Ala Asp
                 85                  90                  95
Asn Thr Glu Glu Val Ile Ala Ala Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Trp
            100                 105                 110
```

```
Val Glu Ser Ile Ala Asn Pro Thr Met Val Val Ala Asp Ile Pro Ala
        115                 120                 125
Ile Val Asp Gly Val Arg Gly Leu Gly Val Leu Thr Val Val Asp Ala

    130                 135                 140
Thr Phe Ala Thr Pro Leu Arg Gln Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala Asp
145                 150                 155                 160
Ile Val Leu Tyr Ser Ala Thr Lys Leu Ile Gly Gly His Ser Asp Leu
                165                 170                 175
Leu Leu Gly Val Ala Val Cys Lys Ser Glu His His Ala Gln Phe Leu
            180                 185                 190
Ala Thr His Arg His Asp His Gly Ser Val Pro Gly Gly Leu Glu Ala

        195                 200                 205
Phe Leu Ala Leu Arg Gly Leu Tyr Ser Leu Ala Val Arg Leu Asp Arg
    210                 215                 220
Ala Glu Ser Asn Ala Ala Glu Leu Ser Arg Arg Leu Asn Ala His Pro
225                 230                 235                 240
Ser Val Thr Arg Val Asn Tyr Pro Gly Leu Pro Asp Asp Pro Gln His
                245                 250                 255
Glu Lys Ala Val Arg Val Leu Pro Ser Gly Cys Gly Asn Met Leu Ser

            260                 265                 270
Phe Glu Leu Asp Ala Thr Pro Glu Arg Thr Asp Glu Ile Leu Glu Ser
        275                 280                 285
Leu Ser Leu Leu Thr His Ala Thr Ser Trp Gly Gly Val Glu Thr Ala
    290                 295                 300
Ile Glu Arg Arg Thr Arg Arg Asp Ala Glu Val Val Ala Glu Val Pro
305                 310                 315                 320
Met Thr Leu Cys Arg Val Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Glu Asp Leu

                325                 330                 335
Trp Glu Asp Leu Asn Ala Ser Ile Asp Lys Val Leu Gly
            340                 345
<210> 81
<211> 861
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(838)
<223> RXS03159
<400> 81
aggggctagt tttacacaaa agtggacagc ttggtctatc attgccagaa gaccggtcct 60
tttagggcca tagaattctg attacaggag ttgatctacc ttg tct ttt gac cca   115
                                              Leu Ser Phe Asp Pro
                                                1               5
aac acc cag ggt ttc tcc act gca tcg att cac gct ggg tat gag cca   163
Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His Ala Gly Tyr Glu Pro
                10                  15                  20

gac gac tac tac ggt tcg att aac acc cca atc tat gcc tcc acc acc   211
Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile Tyr Ala Ser Thr Thr
            25                  30                  35
ttc gcg cag aac gct cca aac gaa ctg cgc aaa ggc tac gag tac acc   259
Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys Gly Tyr Glu Tyr Thr
```

```
         40                  45                  50
cgt gtg ggc aac ccc acc atc gtg gca tta gag cag acc gtc gca gca   307
Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu Gln Thr Val Ala Ala

     55                  60                  65
ctc gaa ggc gca aag tat ggc cgc gca ttc tcc tcc ggc atg gct gca   355
Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser Ser Gly Met Ala Ala
 70                  75                  80                  85
acc gac atc ctg ttc cgc atc atc ctc aag ccg ggc gat cac atc gtc   403
Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro Gly Asp His Ile Val
                90                  95                 100
ctc ggc aac gat gct tac ggc gga acc tac cgc ctg atc gac acc gta   451

Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg Leu Ile Asp Thr Val
            105                 110                 115
ttc acc gca tgg ggc gtc gaa tac acc gtt gtt gat acc tcc gtc gtg   499
Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val Asp Thr Ser Val Val
        120                 125                 130
gaa gag gtc aag gca gcg atc aag gac aac acc aag ctg atc tgg gtg   547
Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr Lys Leu Ile Trp Val
    135                 140                 145

gaa acc cca acc aac cca gca ctt ggc atc acc gac atc gaa gca gta   595
Glu Thr Pro Thr Asn Pro Ala Leu Gly Ile Thr Asp Ile Glu Ala Val
150                 155                 160                 165
gca aag ctc acc gaa ggc acc aac gcc aag ttg gtt gtt gac aac acc   643
Ala Lys Leu Thr Glu Gly Thr Asn Ala Lys Leu Val Val Asp Asn Thr
                170                 175                 180
ttg gca tcc cca tac ctg cag cag cca cta aaa ctc ggc gca cac gca   691
Leu Ala Ser Pro Tyr Leu Gln Gln Pro Leu Lys Leu Gly Ala His Ala

            185                 190                 195
agt cct tgc act cca cca cca agt aca tcg aag gac act ccg acg ttg   739
Ser Pro Cys Thr Pro Pro Pro Ser Thr Ser Lys Asp Thr Pro Thr Leu
        200                 205                 210
ttg gcg gcc ttg tgg gta cca acg acc agg aaa tgg acg aag aac tgc   787
Leu Ala Ala Leu Trp Val Pro Thr Thr Arg Lys Trp Thr Lys Asn Cys
    215                 220                 225
tgt tca tgc agg gcg gca tcg gac cga tcc cat cag ttt tcg atg cat   835

Cys Ser Cys Arg Ala Ala Ser Asp Arg Ser His Gln Phe Ser Met His
230                 235                 240                 245
acc tgaccgcccg tggcctcaag acc                                    861
Thr
<210> 82
<211> 246
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 82
Leu Ser Phe Asp Pro Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His
  1               5                  10                  15
Ala Gly Tyr Glu Pro Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile
             20                  25                  30

Tyr Ala Ser Thr Thr Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys
         35                  40                  45
Gly Tyr Glu Tyr Thr Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu
```

```
     50                  55                  60
Gln Thr Val Ala Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser
 65                  70                  75                  80
Ser Gly Met Ala Ala Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro
                 85                  90                  95

Gly Asp His Ile Val Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg
            100                 105                 110
Leu Ile Asp Thr Val Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val
        115                 120                 125
Asp Thr Ser Val Val Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr
    130                 135                 140
Lys Leu Ile Trp Val Glu Thr Pro Thr Asn Pro Ala Leu Gly Ile Thr
145                 150                 155                 160

Asp Ile Glu Ala Val Ala Lys Leu Thr Glu Gly Thr Asn Ala Lys Leu
                165                 170                 175
Val Val Asp Asn Thr Leu Ala Ser Pro Tyr Leu Gln Gln Pro Leu Lys
            180                 185                 190
Leu Gly Ala His Ala Ser Pro Cys Thr Pro Pro Pro Ser Thr Ser Lys
        195                 200                 205
Asp Thr Pro Thr Leu Leu Ala Ala Leu Trp Val Pro Thr Thr Arg Lys
    210                 215                 220

Trp Thr Lys Asn Cys Cys Ser Cys Arg Ala Ala Ser Asp Arg Ser His
225                 230                 235                 240
Gln Phe Ser Met His Thr
                245
<210> 83
<211> 703
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(703)
<223> FRXA02768
<220>

<223> All occurrences of n = any nucleotide
<220>

<223> All occurrences of Xaa = any amino acid
<400> 83
aggggctagt tttacacaaa agtggacagc ttggtctatc attgccagaa gaccggtcct 60
tttagggcca tagaattctg attacaggag ttgatctacc ttg tct ttt gac cca   115
                                            Leu Ser Phe Asp Pro
                                              1               5
aac acc cag ggt ttc tcc act gca tcg att cac gct ggg tat gag cca   163
Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His Ala Gly Tyr Glu Pro
                10                  15                  20

gac gac tac tac ggt tcg att aac acc cca atc tat gcc tcc acc acc   211
Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile Tyr Ala Ser Thr Thr
            25                  30                  35
ttc gcg cag aac gct cca aac gaa ctg cgc aaa ggc tac gag tac acc   259
Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys Gly Tyr Glu Tyr Thr
```

```
         40                  45                  50
cgt gtg ggc aac ccc acc atc gtg gca tta gag cag acc gtc gca gca   307
Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu Gln Thr Val Ala Ala

     55                  60                  65
ctc gaa ggc gca aag tat ggc cgc gca ttc tcc tcc ggc atg gct gca   355
Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser Ser Gly Met Ala Ala
 70                  75                  80                  85
acc gac atc ctg ttc cgc atc atc ctc aag ccg ggc gat cac atc gtc   403
Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro Gly Asp His Ile Val
                 90                  95                 100
ctc ggc aac gat gct tac ggc gga acc tac cgc ctg atc gac acc gta   451

Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg Leu Ile Asp Thr Val
            105                 110                 115
ttc acc gca tgg ggc gtc gaa tac acc gtt gtt gat acc tcc gtc gtg   499
Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val Asp Thr Ser Val Val
        120                 125                 130
gaa gag gtc aag gca gcg atc aag gac aac acc aag gct gat ctt ggt   547
Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr Lys Ala Asp Leu Gly
    135                 140                 145

gga aac ccc aac caa ccc agc act ttg gca tta ccc gac atc gaa gca   595
Gly Asn Pro Asn Gln Pro Ser Thr Leu Ala Leu Pro Asp Ile Glu Ala
150                 155                 160                 165
gtn tgc aaa act tca ccc gaa agg cac caa ccc caa gct tgt tgt ttg   643
Val Cys Lys Thr Ser Pro Glu Arg His Gln Pro Gln Ala Cys Cys Leu
                170                 175                 180
aca aca cct tcg cat tcc cca tac ctg cag can cca ctt aaa ant tnn   691
Thr Thr Pro Ser His Ser Pro Tyr Leu Gln Xaa Pro Leu Lys Xaa Xaa

            185                 190                 195
gng cac acg cag                                                  703
Xaa His Thr Gln
        200
<210> 84
<211> 201
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<223> All occurrences of Xaa = any amino acid
<400> 84
Leu Ser Phe Asp Pro Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His
  1               5                  10                  15
Ala Gly Tyr Glu Pro Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile
             20                  25                  30
Tyr Ala Ser Thr Thr Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys
         35                  40                  45
Gly Tyr Glu Tyr Thr Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu

     50                  55                  60
Gln Thr Val Ala Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser
 65                  70                  75                  80
Ser Gly Met Ala Ala Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro
                 85                  90                  95
Gly Asp His Ile Val Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg
```

```
            100                 105                 110
Leu Ile Asp Thr Val Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val

        115                 120                 125
Asp Thr Ser Val Val Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr
    130                 135                 140
Lys Ala Asp Leu Gly Gly Asn Pro Asn Gln Pro Ser Thr Leu Ala Leu
145                 150                 155                 160
Pro Asp Ile Glu Ala Val Cys Lys Thr Ser Pro Glu Arg His Gln Pro
                165                 170                 175
Gln Ala Cys Cys Leu Thr Thr Pro Ser His Ser Pro Tyr Leu Gln Xaa

            180                 185                 190
Pro Leu Lys Xaa Xaa Xaa His Thr Gln
        195                 200
<210> 85
<211> 1113
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1090)
<223> RXA00216
<400> 85
gtgttgctcg cggccaggca gcagtgctgt acctgcctga cgcggatggt gacatcgttc 60
ttggatcagg caccatctgc cacacggagt cttaagaaaa ttg ggc gct tat ggt   115
                                        Leu Gly Ala Tyr Gly
                                          1               5
tta ggt gag ctt cct gga aaa tcc gcc gcg gaa gcc gcc gac att att   163
Leu Gly Glu Leu Pro Gly Lys Ser Ala Ala Glu Ala Ala Asp Ile Ile
                10                  15                  20

cag ggt gaa acg ggc gat ctt ctc cat att cct cag ctt ccg gcg cga   211
Gln Gly Glu Thr Gly Asp Leu Leu His Ile Pro Gln Leu Pro Ala Arg
            25                  30                  35
ggt ttg ggt gct gat ctg atc ggt cga acc gtc ggt ctg ctg gac atg   259
Gly Leu Gly Ala Asp Leu Ile Gly Arg Thr Val Gly Leu Leu Asp Met
        40                  45                  50
atc aac gtt gat cgc ggg gcc cga tct tgg gtg atg agc aca cgc ccc   307
Ile Asn Val Asp Arg Gly Ala Arg Ser Trp Val Met Ser Thr Arg Pro

    55                  60                  65
agc aga ttg acg cac ctg acc ggc gat ttc ctt gac atg gat ttg gat   355
Ser Arg Leu Thr His Leu Thr Gly Asp Phe Leu Asp Met Asp Leu Asp
 70                  75                  80                  85
gcg tgc gag gaa acc tgg gga acg ggc gtc gac aag cta aaa atc caa   403
Ala Cys Glu Glu Thr Trp Gly Thr Gly Val Asp Lys Leu Lys Ile Gln
                90                  95                  100
gtt gct ggt ccc tgg act tta ggt gcg cgc att gag ttg gcc aat ggc   451

Val Ala Gly Pro Trp Thr Leu Gly Ala Arg Ile Glu Leu Ala Asn Gly
            105                 110                 115
cat cgc gtt ttg tct gat cgc ggt gcg atg cgt gat ctc acg cag gcg   499
His Arg Val Leu Ser Asp Arg Gly Ala Met Arg Asp Leu Thr Gln Ala
        120                 125                 130
ctg atc gcc ggc atc gat gcg cat gca cgc aag gtt gct ggg cga ttt   547
```

```
Leu Ile Ala Gly Ile Asp Ala His Ala Arg Lys Val Ala Gly Arg Phe
    135                 140                 145

cgc gcc gaa gtg cag gtg caa att gat gag ccg gag ctg aaa tcg ctt   595
Arg Ala Glu Val Gln Val Gln Ile Asp Glu Pro Glu Leu Lys Ser Leu
150                 155                 160                 165
atc gac ggc tcc ctc cct ggc act tcc acc ttt gac att att cct gcg   643
Ile Asp Gly Ser Leu Pro Gly Thr Ser Thr Phe Asp Ile Ile Pro Ala
                170                 175                 180
gtg aat gtc gct gat gcc agt gaa cgt ttg cag cag gtc ttt agc tcg   691
Val Asn Val Ala Asp Ala Ser Glu Arg Leu Gln Gln Val Phe Ser Ser

            185                 190                 195
att gag ggg ccg aca tat ctc aac ctc acc ggc cag att cct act tgg   739
Ile Glu Gly Pro Thr Tyr Leu Asn Leu Thr Gly Gln Ile Pro Thr Trp
        200                 205                 210
gat gtg gct cgg ggt gcg ggc gcc gat act gtg cag att tcc atg gat   787
Asp Val Ala Arg Gly Ala Gly Ala Asp Thr Val Gln Ile Ser Met Asp
    215                 220                 225
caa gtc cgt gga aat gaa cat ttg gat ggt ttt ggt gaa acc atc acc   835

Gln Val Arg Gly Asn Glu His Leu Asp Gly Phe Gly Glu Thr Ile Thr
230                 235                 240                 245
agt gga att cgt ctt ggt ttg ggc att acg aca gga aaa gat gtc gta   883
Ser Gly Ile Arg Leu Gly Leu Gly Ile Thr Thr Gly Lys Asp Val Val
                250                 255                 260
gat gaa ctg ctc gag cga ccg cgg caa aag gcc gtt gag gta gca cgc   931
Asp Glu Leu Leu Glu Arg Pro Arg Gln Lys Ala Val Glu Val Ala Arg
            265                 270                 275

ttt ttt gat cgt tta ggt gtg ggc cga aac tat ctc gtg gat gct gtt   979
Phe Phe Asp Arg Leu Gly Val Gly Arg Asn Tyr Leu Val Asp Ala Val
        280                 285                 290
gat att cat ccg ggt gag gat ttg gtg cag ggg acc atc acc gag gcc   1027
Asp Ile His Pro Gly Glu Asp Leu Val Gln Gly Thr Ile Thr Glu Ala
    295                 300                 305
gcg cag gct tat cgc atg gcc cgg gtg atg tcg gag atg ttg tcg aag   1075
Ala Gln Ala Tyr Arg Met Ala Arg Val Met Ser Glu Met Leu Ser Lys

310                 315                 320                 325
gat tca tgc gac ctt taaggcttta ccggcgctgg gtg                     1113
Asp Ser Cys Asp Leu
                330
<210> 86
<211> 330
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 86
Leu Gly Ala Tyr Gly Leu Gly Glu Leu Pro Gly Lys Ser Ala Ala Glu
  1               5                  10                  15
Ala Ala Asp Ile Ile Gln Gly Glu Thr Gly Asp Leu Leu His Ile Pro
             20                  25                  30

Gln Leu Pro Ala Arg Gly Leu Gly Ala Asp Leu Ile Gly Arg Thr Val
         35                  40                  45
Gly Leu Leu Asp Met Ile Asn Val Asp Arg Gly Ala Arg Ser Trp Val
     50                  55                  60
```

Met Ser Thr Arg Pro Ser Arg Leu Thr His Leu Thr Gly Asp Phe Leu
65 70 75 80
Asp Met Asp Leu Asp Ala Cys Glu Glu Thr Trp Gly Thr Gly Val Asp
85 90 95

Lys Leu Lys Ile Gln Val Ala Gly Pro Trp Thr Leu Gly Ala Arg Ile
100 105 110
Glu Leu Ala Asn Gly His Arg Val Leu Ser Asp Arg Gly Ala Met Arg
115 120 125
Asp Leu Thr Gln Ala Leu Ile Ala Gly Ile Asp Ala His Ala Arg Lys
130 135 140
Val Ala Gly Arg Phe Arg Ala Glu Val Gln Val Gln Ile Asp Glu Pro
145 150 155 160

Glu Leu Lys Ser Leu Ile Asp Gly Ser Leu Pro Gly Thr Ser Thr Phe
165 170 175
Asp Ile Ile Pro Ala Val Asn Val Ala Asp Ala Ser Glu Arg Leu Gln
180 185 190
Gln Val Phe Ser Ser Ile Glu Gly Pro Thr Tyr Leu Asn Leu Thr Gly
195 200 205
Gln Ile Pro Thr Trp Asp Val Ala Arg Gly Ala Gly Ala Asp Thr Val
210 215 220

Gln Ile Ser Met Asp Gln Val Arg Gly Asn Glu His Leu Asp Gly Phe
225 230 235 240
Gly Glu Thr Ile Thr Ser Gly Ile Arg Leu Gly Leu Gly Ile Thr Thr
245 250 255
Gly Lys Asp Val Val Asp Glu Leu Leu Glu Arg Pro Arg Gln Lys Ala
260 265 270
Val Glu Val Ala Arg Phe Phe Asp Arg Leu Gly Val Gly Arg Asn Tyr
275 280 285

Leu Val Asp Ala Val Asp Ile His Pro Gly Glu Asp Leu Val Gln Gly
290 295 300
Thr Ile Thr Glu Ala Ala Gln Ala Tyr Arg Met Ala Arg Val Met Ser
305 310 315 320
Glu Met Leu Ser Lys Asp Ser Cys Asp Leu
325 330

<210> 87
<211> 551
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(528)
<223> RXA02197
<400> 87
gcc gaa cgc atg cgc ttt agc ttc cca cgc cag cag cgc ggc agg ttc 48
Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe
1 5 10 15
ttg tgc atc gcg gat ttc att cgc cca cgc gag caa gct gtc aag gac 96
Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp
20 25 30
ggc caa gtg gac gtc atg cca ttc cag ctg gtc acc atg ggt aat cct 144

Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro

```
         35                  40                  45
att gct gat ttc gcc aac gag ttg ttc gca gcc aat gaa tac cgc gag   192
Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu
     50                  55                  60
tac ttg gaa gtt cac ggc atc ggc gtg cag ctc acc gaa gca ttg gcc   240
Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala
 65                  70                  75                  80

gag tac tgg cac tcc cga gtg cgc agc gaa ctc aag ctg aac gac ggt   288
Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly
                85                  90                  95
gga tct gtc gct gat ttt gat cca gaa gac aag acc aag ttc ttc gac   336
Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp
            100                 105                 110
ctg gat tac cgc ggc gcc cgc ttc tcc ttt ggt tac ggt tct tgc cct   384
Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro

        115                 120                 125
gat ctg gaa gac cgc gca aag ctg gtg gaa ttg ctc gag cca ggc cgt   432
Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg
    130                 135                 140
atc ggc gtg gag ttg tcc gag gaa ctc cag ctg cac cca gag cag tcc   480
Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser
145                 150                 155                 160
aca gac gcg ttt gtg ctc tac cac cca gag gca aag tac ttt aac gtc   528

Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val
                165                 170                 175
taacaccttt gagagggaaa act                                        551
<210> 88
<211> 176
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 88
Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe
  1               5                  10                  15
Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp
             20                  25                  30

Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro
         35                  40                  45
Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu
     50                  55                  60
Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala
 65                  70                  75                  80
Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly
                85                  90                  95

Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp
            100                 105                 110
Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro
        115                 120                 125
Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg
    130                 135                 140
Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser
145                 150                 155                 160
```

```
Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val
                165                 170                 175
<210> 89
<211> 2599
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(2599)
<223> RXN02198
<400> 89
agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcgttg aaaatgaact acgaatgaaa 60
agttcgggaa ttgtctaatc cgtactaagc tgtctacaca atg tct act tca gtt   115
                                          Met Ser Thr Ser Val
                                            1               5
act tca cca gcc cac aac aac gca cat tcc tcc gaa ttt ttg gat gcg   163
Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser Glu Phe Leu Asp Ala
                10                  15                  20

ttg gca aac cat gtg ttg atc ggc gac ggc gcc atg ggc acc cag ctc   211
Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala Met Gly Thr Gln Leu
            25                  30                  35
caa ggc ttt gac ctg gac gtg gaa aag gat ttc ctt gat ctg gag ggg   259
Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe Leu Asp Leu Glu Gly
        40                  45                  50
tgt aat gag att ctc aac gac acc cgc cct gat gtg ttg agg cag att   307
Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp Val Leu Arg Gln Ile

    55                  60                  65
cac cgc gcc tac ttt gag gcg gga gct gac ttg gtt gag acc aat act   355
His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu Val Glu Thr Asn Thr
 70                  75                  80                  85
ttt ggt tgc aac ctg ccg aac ttg gcg gat tat gac atc gct gat cgt   403
Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr Asp Ile Ala Asp Arg
                90                  95                  100
tgc cgt gag ctt gcc tac aag ggc act gca gtg gct agg gaa gtg gct   451

Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val Ala Arg Glu Val Ala
            105                 110                 115
gat gag atg ggg ccg ggc cga aac ggc atg cgg cgt ttc gtg gtt ggt   499
Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg Arg Phe Val Val Gly
        120                 125                 130
tcc ctg gga cct gga acg aag ctt cca tcg ctg ggc cat gca ccg tat   547
Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu Gly His Ala Pro Tyr
    135                 140                 145

gca gat ttg cgt ggg cac tac aag gaa gca gcg ctt ggc atc atc gac   595
Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala Leu Gly Ile Ile Asp
150                 155                 160                 165
ggt ggt ggc gat gcc ttt ttg att gag act gct cag gac ttg ctt cag   643
Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Gln
                170                 175                 180
gtc aag gct gcg gtt cac ggc gtt caa gat gcc atg gct gaa ctt gat   691
Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala Met Ala Glu Leu Asp

            185                 190                 195
```

```
aca ttc ttg ccc att att tgc cac gtc acc gta gag acc acc ggc acc   739
Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val Glu Thr Thr Gly Thr
        200                 205                 210
atg ctc atg ggt tct gag atc ggt gcc gcg ttg aca gcg ctg cag cca   787
Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu Thr Ala Leu Gln Pro
    215                 220                 225
ctg ggt atc gac atg att ggt ctg aac tgc gcc acc ggc cca gat gag   835

Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala Thr Gly Pro Asp Glu
230                 235                 240                 245
atg agc gag cac ctg cgt tac ctg tcc aag cac gcc gat att cct gtg   883
Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His Ala Asp Ile Pro Val
                250                 255                 260
tcg gtg atg cct aac gca ggt ctt cct gtc ctg ggt aaa aac ggt gca   931
Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu Gly Lys Asn Gly Ala
            265                 270                 275

gaa tac cca ctt gag gct gag gat ttg gcg cag gcg ctg gct gga ttc   979
Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu Ala Gly Phe
        280                 285                 290
gtc tcc gaa tat ggc ctg tcc atg gtg ggt ggt tgt tgt ggc acc aca   1027
Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr
    295                 300                 305
cct gag cac atc cgt gcg gtc cgc gat gcg gtg gtt ggt gtt cca gag   1075
Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val Val Gly Val Pro Glu

310                 315                 320                 325
cag gaa acc tcc aca ctg acc aag atc cct gca ggc cct gtt gag cag   1123
Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala Gly Pro Val Glu Gln
                330                 335                 340
gcc tcc cgc gag gtg gag aaa gag gac tcc gtc gcg tcg ctg tac acc   1171
Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val Ala Ser Leu Tyr Thr
            345                 350                 355
tcg gtg cca ttg tcc cag gaa acc ggc att tcc atg atc ggt gag cgc   1219

Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser Met Ile Gly Glu Arg
        360                 365                 370
acc aac tcc aac ggt tcc aag gca ttc cgt gag gca atg ctg tct ggc   1267
Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu Ala Met Leu Ser Gly
    375                 380                 385
gat tgg gaa aag tgt gtg gat att gcc aag cag caa acc cgc gat ggt   1315
Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln Gln Thr Arg Asp Gly
390                 395                 400                 405

gca cac atg ctg gat ctt tgt gtg gat tac gtg gga cga gac ggc acc   1363
Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val Gly Arg Asp Gly Thr
                410                 415                 420
gcc gat atg gcg acc ttg gca gca ctt ctt gct acc agc tcc act ttg   1411
Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ser Ser Thr Leu
            425                 430                 435
cca atc atg att gac tcc acc gag cca gag gtt att cgc aca ggc ctt   1459
Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val Ile Arg Thr Gly Leu

        440                 445                 450
gag cac ttg ggt gga cga agc atc gtt aac tcc gtc aac ttt gaa gac   1507
Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser Val Asn Phe Glu Asp
    455                 460                 465
```

```
ggc gat ggc cct gag tcc cgc tac cag cgc atc atg aaa ctg gta aag   1555
Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile Met Lys Leu Val Lys
470                 475                 480                 485
cag cac ggt gcg gcc gtg gtt gcg ctg acc att gat gag gaa ggc cag   1603

Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile Asp Glu Glu Gly Gln
                490                 495                 500
gca cgt acc gct gag cac aag gtg cgc att gct aaa cga ctg att gac   1651
Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala Lys Arg Leu Ile Asp
            505                 510                 515
gat atc acc ggc agc tac ggc ctg gat atc aaa gac atc gtt gtg gac   1699
Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys Asp Ile Val Val Asp
        520                 525                 530

tgc ctg acc ttc ccg atc tct act ggc cag gaa gaa acc agg cga gat   1747
Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu Glu Thr Arg Arg Asp
    535                 540                 545
ggc att gaa acc atc gaa gcc atc cgc gag ctg aag aag ctc tac cca   1795
Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu Lys Lys Leu Tyr Pro
550                 555                 560                 565
gaa atc cac acc acc ctg ggt ctg tcc aat att tcc ttc ggc ctg aac   1843
Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile Ser Phe Gly Leu Asn

                570                 575                 580
cct gct gca cgc cag gtt ctt aac tct gtg ttc ctc aat gag tgc att   1891
Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe Leu Asn Glu Cys Ile
            585                 590                 595
gag gct ggt ctg gac tct gcg att gcg cac agc tcc aag att ttg ccg   1939
Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser Ser Lys Ile Leu Pro
        600                 605                 610
atg aac cgc att gat gat cgc cag cgc gaa gtg gcg ttg gat atg gtc   1987

Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val Ala Leu Asp Met Val
    615                 620                 625
tat gat cgc cgc acc gag gat tac gat ccg ctg cag gaa ttc atg cag   2035
Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu Gln Glu Phe Met Gln
630                 635                 640                 645
ctg ttt gag ggc gtt tct gct gcc gat gcc aag gat gct cgc gct gaa   2083
Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys Asp Ala Arg Ala Glu
                650                 655                 660

cag ctg gcc gct atg cct ttg ttt gag cgt ttg gca cag cgc atc atc   2131
Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu Ala Gln Arg Ile Ile
            665                 670                 675
gac ggc gat aag aat ggc ctt gag gat gat ctg gaa gca ggc atg aag   2179
Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu Glu Ala Gly Met Lys
        680                 685                 690
gag aag tct cct att gcg atc atc aac gag gac ctt ctc aac ggc atg   2227
Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp Leu Leu Asn Gly Met

    695                 700                 705
aag acc gtg ggt gag ctg ttt ggt tcc gga cag atg cag ctg cca ttc   2275
Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln Met Gln Leu Pro Phe
710                 715                 720                 725
gtg ctg caa tcg gca gaa acc atg aaa act gcg gtg gcc tat ttg gaa   2323
Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala Val Ala Tyr Leu Glu
                730                 735                 740
```

```
ccg ttc atg gaa gag gaa gca gaa gct acc gga tct gcg cag gca gag   2371

Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly Ser Ala Gln Ala Glu
            745                 750                 755
ggc aag ggc aaa atc gtc gtg gcc acc gtc aag ggt gac gtg cac gat   2419
Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys Gly Asp Val His Asp
        760                 765                 770
atc ggc aag aac ttg gtg gac atc att ttg tcc aac aac ggt tac gac   2467
Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser Asn Asn Gly Tyr Asp
    775                 780                 785

gtg gtg aac ttg ggc atc aag cag cca ctg tcc gcc atg ttg gaa gca   2515
Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser Ala Met Leu Glu Ala
790                 795                 800                 805
gcg gaa gaa cac aaa gca gac gtc atc ggc atg tcg gga ctt ctt gtg   2563
Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met Ser Gly Leu Leu Val
                810                 815                 820
aag tcc acc gtg gtg atg aag caa acc atc agc gac                   2599
Lys Ser Thr Val Val Met Lys Gln Thr Ile Ser Asp

            825                 830
<210> 90
<211> 833
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 90
Met Ser Thr Ser Val Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser
  1               5                  10                  15
Glu Phe Leu Asp Ala Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala
             20                  25                  30
Met Gly Thr Gln Leu Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe
         35                  40                  45

Leu Asp Leu Glu Gly Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp
     50                  55                  60
Val Leu Arg Gln Ile His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu
 65                  70                  75                  80
Val Glu Thr Asn Thr Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr
                 85                  90                  95
Asp Ile Ala Asp Arg Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val
            100                 105                 110

Ala Arg Glu Val Ala Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg
        115                 120                 125
Arg Phe Val Val Gly Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu
    130                 135                 140
Gly His Ala Pro Tyr Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala
145                 150                 155                 160
Leu Gly Ile Ile Asp Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala
                165                 170                 175

Gln Asp Leu Leu Gln Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala
            180                 185                 190
Met Ala Glu Leu Asp Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val
        195                 200                 205
Glu Thr Thr Gly Thr Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu
    210                 215                 220
```

```
Thr Ala Leu Gln Pro Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala
225                 230                 235                 240

Thr Gly Pro Asp Glu Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His
                245                 250                 255
Ala Asp Ile Pro Val Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu
            260                 265                 270
Gly Lys Asn Gly Ala Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln
        275                 280                 285
Ala Leu Ala Gly Phe Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly
    290                 295                 300

Cys Cys Gly Thr Thr Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val
305                 310                 315                 320
Val Gly Val Pro Glu Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala
                325                 330                 335
Gly Pro Val Glu Gln Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val
            340                 345                 350
Ala Ser Leu Tyr Thr Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser
        355                 360                 365

Met Ile Gly Glu Arg Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu
    370                 375                 380
Ala Met Leu Ser Gly Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln
385                 390                 395                 400
Gln Thr Arg Asp Gly Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val
                405                 410                 415
Gly Arg Asp Gly Thr Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala
            420                 425                 430

Thr Ser Ser Thr Leu Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val
        435                 440                 445
Ile Arg Thr Gly Leu Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser
    450                 455                 460
Val Asn Phe Glu Asp Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile
465                 470                 475                 480
Met Lys Leu Val Lys Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile
                485                 490                 495

Asp Glu Glu Gly Gln Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala
            500                 505                 510
Lys Arg Leu Ile Asp Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys
        515                 520                 525
Asp Ile Val Val Asp Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu
    530                 535                 540
Glu Thr Arg Arg Asp Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu
545                 550                 555                 560

Lys Lys Leu Tyr Pro Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile
                565                 570                 575
Ser Phe Gly Leu Asn Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe
            580                 585                 590
Leu Asn Glu Cys Ile Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser
        595                 600                 605
Ser Lys Ile Leu Pro Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val
    610                 615                 620
```

```
Ala Leu Asp Met Val Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu
625                 630                 635                 640
Gln Glu Phe Met Gln Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys
                645                 650                 655
Asp Ala Arg Ala Glu Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu
            660                 665                 670
Ala Gln Arg Ile Ile Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu
        675                 680                 685

Glu Ala Gly Met Lys Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp
    690                 695                 700
Leu Leu Asn Gly Met Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln
705                 710                 715                 720
Met Gln Leu Pro Phe Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala
                725                 730                 735
Val Ala Tyr Leu Glu Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly
            740                 745                 750

Ser Ala Gln Ala Glu Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys
        755                 760                 765
Gly Asp Val His Asp Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser
    770                 775                 780
Asn Asn Gly Tyr Asp Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser
785                 790                 795                 800
Ala Met Leu Glu Ala Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met
                805                 810                 815

Ser Gly Leu Leu Val Lys Ser Thr Val Val Met Lys Gln Thr Ile Ser
            820                 825                 830
Asp
<210> 91
<211> 2578
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(2578)
<223> FRXA02198
<400> 91
agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcgttg aaaatgaact acgaatgaaa 60
agttcgggaa ttgtctaatc cgtactaagc tgtctacaca atg tct act tca gtt   115
                                          Met Ser Thr Ser Val
                                            1               5
act tca cca gcc cac aac aac gca cat tcc tcc gaa ttt ttg gat gcg   163
Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser Glu Phe Leu Asp Ala
                10                  15                  20

ttg gca aac cat gtg ttg atc ggc gac ggc gcc atg ggc acc cag ctc   211
Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala Met Gly Thr Gln Leu
            25                  30                  35
caa ggc ttt gac ctg gac gtg gaa aag gat ttc ctt gat ctg gag ggg   259
Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe Leu Asp Leu Glu Gly
        40                  45                  50
tgt aat gag att ctc aac gac acc cgc cct gat gtg ttg agg cag att   307
Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp Val Leu Arg Gln Ile
```

```
     55                  60                  65
cac cgc gcc tac ttt gag gcg gga gct gac ttg gtt gag acc aat act   355
His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu Val Glu Thr Asn Thr
 70                  75                  80                  85
ttt ggt tgc aac ctg ccg aac ttg gcg gat tat gac atc gct gat cgt   403
Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr Asp Ile Ala Asp Arg
                90                  95                 100
tgc cgt gag ctt gcc tac aag ggc act gca gtg gct agg gaa gtg gct   451

Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val Ala Arg Glu Val Ala
            105                 110                 115
gat gag atg ggg ccg ggc cga aac ggc atg cgg cgt ttc gtg gtt ggt   499
Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg Arg Phe Val Val Gly
        120                 125                 130
tcc ctg gga cct gga acg aag ctt cca tcg ctg ggc cat gca ccg tat   547
Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu Gly His Ala Pro Tyr
    135                 140                 145

gca gat ttg cgt ggg cac tac aag gaa gca gcg ctt ggc atc atc gac   595
Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala Leu Gly Ile Ile Asp
150                 155                 160                 165
ggt ggt ggc gat gcc ttt ttg att gag act gct cag gac ttg ctt cag   643
Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Gln
                170                 175                 180
gtc aag gct gcg gtt cac ggc gtt caa gat gcc atg gct gaa ctt gat   691
Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala Met Ala Glu Leu Asp

            185                 190                 195
aca ttc ttg ccc att att tgc cac gtc acc gta gag acc acc ggc acc   739
Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val Glu Thr Thr Gly Thr
        200                 205                 210
atg ctc atg ggt tct gag atc ggt gcc gcg ttg aca gcg ctg cag cca   787
Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu Thr Ala Leu Gln Pro
    215                 220                 225
ctg ggt atc gac atg att ggt ctg aac tgc gcc acc ggc cca gat gag   835

Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala Thr Gly Pro Asp Glu
230                 235                 240                 245
atg agc gag cac ctg cgt tac ctg tcc aag cac gcc gat att cct gtg   883
Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His Ala Asp Ile Pro Val
                250                 255                 260
tcg gtg atg cct aac gca ggt ctt cct gtc ctg ggt aaa aac ggt gca   931
Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu Gly Lys Asn Gly Ala
            265                 270                 275

gaa tac cca ctt gag gct gag gat ttg gcg cag gcg ctg gct gga ttc   979
Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu Ala Gly Phe
        280                 285                 290
gtc tcc gaa tat ggc ctg tcc atg gtg ggt ggt tgt tgt ggc acc aca   1027
Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr
    295                 300                 305
cct gag cac atc cgt gcg gtc cgc gat gcg gtg gtt ggt gtt cca gag   1075
Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val Val Gly Val Pro Glu

310                 315                 320                 325
cag gaa acc tcc aca ctg acc aag atc cct gca ggc cct gtt gag cag   1123
Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala Gly Pro Val Glu Gln
```

```
                330                 335                 340
gcc tcc cgc gag gtg gag aaa gag gac tcc gtc gcg tcg ctg tac acc   1171
Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val Ala Ser Leu Tyr Thr
            345                 350                 355
tcg gtg cca ttg tcc cag gaa acc ggc att tcc atg atc ggt gag cgc   1219

Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser Met Ile Gly Glu Arg
        360                 365                 370
acc aac tcc aac ggt tcc aag gca ttc cgt gag gca atg ctg tct ggc   1267
Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu Ala Met Leu Ser Gly
    375                 380                 385
gat tgg gaa aag tgt gtg gat att gcc aag cag caa acc cgc gat ggt   1315
Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln Gln Thr Arg Asp Gly
390                 395                 400                 405

gca cac atg ctg gat ctt tgt gtg gat tac gtg gga cga gac ggc acc   1363
Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val Gly Arg Asp Gly Thr
                410                 415                 420
gcc gat atg gcg acc ttg gca gca ctt ctt gct acc agc tcc act ttg   1411
Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ser Ser Thr Leu
            425                 430                 435
cca atc atg att gac tcc acc gag cca gag gtt att cgc aca ggc ctt   1459
Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val Ile Arg Thr Gly Leu

        440                 445                 450
gag cac ttg ggt gga cga agc atc gtt aac tcc gtc aac ttt gaa gac   1507
Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser Val Asn Phe Glu Asp
    455                 460                 465
ggc gat ggc cct gag tcc cgc tac cag cgc atc atg aaa ctg gta aag   1555
Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile Met Lys Leu Val Lys
470                 475                 480                 485
cag cac ggt gcg gcc gtg gtt gcg ctg acc att gat gag gaa ggc cag   1603

Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile Asp Glu Glu Gly Gln
                490                 495                 500
gca cgt acc gct gag cac aag gtg cgc att gct aaa cga ctg att gac   1651
Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala Lys Arg Leu Ile Asp
            505                 510                 515
gat atc acc ggc agc tac ggc ctg gat atc aaa gac atc gtt gtg gac   1699
Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys Asp Ile Val Val Asp
        520                 525                 530

tgc ctg acc ttc ccg atc tct act ggc cag gaa gaa acc agg cga gat   1747
Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu Glu Thr Arg Arg Asp
    535                 540                 545
ggc att gaa acc atc gaa gcc atc cgc gag ctg aag aag ctc tac cca   1795
Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu Lys Lys Leu Tyr Pro
550                 555                 560                 565
gaa atc cac acc acc ctg ggt ctg tcc aat att tcc ttc ggc ctg aac   1843
Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile Ser Phe Gly Leu Asn

                570                 575                 580
cct gct gca cgc cag gtt ctt aac tct gtg ttc ctc aat gag tgc att   1891
Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe Leu Asn Glu Cys Ile
            585                 590                 595
gag gct ggt ctg gac tct gcg att gcg cac agc tcc aag att ttg ccg   1939
Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser Ser Lys Ile Leu Pro
```

```
        600                 605                 610
atg aac cgc att gat gat cgc cag cgc gaa gtg gcg ttg gat atg gtc   1987

Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val Ala Leu Asp Met Val
    615                 620                 625
tat gat cgc cgc acc gag gat tac gat ccg ctg cag gaa ttc atg cag   2035
Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu Gln Glu Phe Met Gln
630                 635                 640                 645
ctg ttt gag ggc gtt tct gct gcc gat gcc aag gat gct cgc gct gaa   2083
Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys Asp Ala Arg Ala Glu
                650                 655                 660

cag ctg gcc gct atg cct ttg ttt gag cgt ttg gca cag cgc atc atc   2131
Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu Ala Gln Arg Ile Ile
            665                 670                 675
gac ggc gat aag aat ggc ctt gag gat gat ctg gaa gca ggc atg aag   2179
Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu Glu Ala Gly Met Lys
        680                 685                 690
gag aag tct cct att gcg atc atc aac gag gac ctt ctc aac ggc atg   2227
Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp Leu Leu Asn Gly Met

    695                 700                 705
aag acc gtg ggt gag ctg ttt ggt tcc gga cag atg cag ctg cca ttc   2275
Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln Met Gln Leu Pro Phe
710                 715                 720                 725
gtg ctg caa tcg gca gaa acc atg aaa act gcg gtg gcc tat ttg gaa   2323
Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala Val Ala Tyr Leu Glu
                730                 735                 740
ccg ttc atg gaa gag gaa gca gaa gct acc gga tct gcg cag gca gag   2371

Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly Ser Ala Gln Ala Glu
            745                 750                 755
ggc aag ggc aaa atc gtc gtg gcc acc gtc aag ggt gac gtg cac gat   2419
Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys Gly Asp Val His Asp
        760                 765                 770
atc ggc aag aac ttg gtg gac atc att ttg tcc aac aac ggt tac gac   2467
Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser Asn Asn Gly Tyr Asp
    775                 780                 785

gtg gtg aac ttg ggc atc aag cag cca ctg tcc gcc atg ttg gaa gca   2515
Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser Ala Met Leu Glu Ala
790                 795                 800                 805
gcg gaa gaa cac aaa gca gac gtc atc ggc atg tcg gga ctt ctt gtg   2563
Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met Ser Gly Leu Leu Val
                810                 815                 820
aag tcc acc gtg gtg                                             2578
Lys Ser Thr Val Val
            825
```

<210> 92
<211> 826
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 92

```
Met Ser Thr Ser Val Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser
  1               5                  10                  15
Glu Phe Leu Asp Ala Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala
```

```
            20                  25                  30
Met Gly Thr Gln Leu Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe
         35                  40                  45
Leu Asp Leu Glu Gly Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp

     50                  55                  60
Val Leu Arg Gln Ile His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu
 65                  70                  75                  80
Val Glu Thr Asn Thr Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr
                85                  90                  95
Asp Ile Ala Asp Arg Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val
            100                 105                 110
Ala Arg Glu Val Ala Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg

        115                 120                 125
Arg Phe Val Val Gly Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu
    130                 135                 140
Gly His Ala Pro Tyr Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala
145                 150                 155                 160
Leu Gly Ile Ile Asp Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala
                165                 170                 175
Gln Asp Leu Leu Gln Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala

            180                 185                 190
Met Ala Glu Leu Asp Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val
        195                 200                 205
Glu Thr Thr Gly Thr Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu
    210                 215                 220
Thr Ala Leu Gln Pro Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala
225                 230                 235                 240
Thr Gly Pro Asp Glu Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His

                245                 250                 255
Ala Asp Ile Pro Val Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu
            260                 265                 270
Gly Lys Asn Gly Ala Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln
        275                 280                 285
Ala Leu Ala Gly Phe Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly
    290                 295                 300
Cys Cys Gly Thr Thr Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val

305                 310                 315                 320
Val Gly Val Pro Glu Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala
                325                 330                 335
Gly Pro Val Glu Gln Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val
            340                 345                 350
Ala Ser Leu Tyr Thr Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser
        355                 360                 365
Met Ile Gly Glu Arg Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu

    370                 375                 380
Ala Met Leu Ser Gly Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln
385                 390                 395                 400
Gln Thr Arg Asp Gly Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val
                405                 410                 415
Gly Arg Asp Gly Thr Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala
            420                 425                 430
```

```
Thr Ser Ser Thr Leu Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val

        435                 440                 445
Ile Arg Thr Gly Leu Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser
    450                 455                 460
Val Asn Phe Glu Asp Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile
465                 470                 475                 480
Met Lys Leu Val Lys Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile
                485                 490                 495
Asp Glu Glu Gly Gln Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala

            500                 505                 510
Lys Arg Leu Ile Asp Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys
        515                 520                 525
Asp Ile Val Val Asp Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu
    530                 535                 540
Glu Thr Arg Arg Asp Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu
545                 550                 555                 560
Lys Lys Leu Tyr Pro Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile

                565                 570                 575
Ser Phe Gly Leu Asn Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe
            580                 585                 590
Leu Asn Glu Cys Ile Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser
        595                 600                 605
Ser Lys Ile Leu Pro Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val
    610                 615                 620
Ala Leu Asp Met Val Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu

625                 630                 635                 640
Gln Glu Phe Met Gln Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys
                645                 650                 655
Asp Ala Arg Ala Glu Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu
            660                 665                 670
Ala Gln Arg Ile Ile Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu
        675                 680                 685
Glu Ala Gly Met Lys Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp

    690                 695                 700
Leu Leu Asn Gly Met Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln
705                 710                 715                 720
Met Gln Leu Pro Phe Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala
                725                 730                 735
Val Ala Tyr Leu Glu Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly
            740                 745                 750
Ser Ala Gln Ala Glu Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys

        755                 760                 765
Gly Asp Val His Asp Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser
    770                 775                 780
Asn Asn Gly Tyr Asp Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser
785                 790                 795                 800
Ala Met Leu Glu Ala Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met
                805                 810                 815
Ser Gly Leu Leu Val Lys Ser Thr Val Val
            820                 825
```

<210> 93
<211> 621
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(598)
<223> RXN03074
<400> 93
tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60
tagcaggaca agcatactgt tttagttcta tgctgtgggc atg act caa agt gct 115
Met Thr Gln Ser Ala
1 5
cca gaa ttc att gcc acc gca gac ctc gta gac atc atc ggc gac aac 163
Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp Ile Ile Gly Asp Asn
10 15 20

gcg caa tca tgc gac act cag ttt caa aac ctt gga ggt gcc aca gaa 211
Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu Gly Gly Ala Thr Glu
25 30 35
ttc cac gga ata ata acc acc gtg aaa tgc ttc caa gac aac gcc ctc 259
Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe Gln Asp Asn Ala Leu
40 45 50
ctg aaa tcc atc ctg agc gag gat aat cct ggg gga gtg ctg gtt atc 307
Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly Gly Val Leu Val Ile

55 60 65
gat ggc gac gca tcc gtg cac acc gcg cta gtt ggc gac atc att gca 355
Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val Gly Asp Ile Ile Ala
70 75 80 85
gga ctt gga aaa gat cat ggt tgg tcc gga gta att gtc aac gga gca 403
Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val Ile Val Asn Gly Ala
90 95 100
att cga gac tcc gca gtc atc ggc acc atg acc ttt ggt tgt aaa gcc 451

Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr Phe Gly Cys Lys Ala
105 110 115
ctt gga acc aac ccg cgg aaa tcc act aaa act ggt tcc ggc gaa cga 499
Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr Gly Ser Gly Glu Arg
120 125 130
gac gta gtg gta tcg att ggt ggc att gac ttc att cct ggt cat tac 547
Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe Ile Pro Gly His Tyr
135 140 145

gtc tac gcg gac tct gac gga att atc gtc acc gag gcg cca att aag 595
Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr Glu Ala Pro Ile Lys
150 155 160 165
cag taatttgttt tgacgacgca gta 621
Gln
<210> 94
<211> 166
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 94
Met Thr Gln Ser Ala Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp
1 5 10 15

```
Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu

            20                  25                  30
Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
        35                  40                  45
Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
    50                  55                  60
Gly Val Leu Val Ile Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val
65                  70                  75                  80
Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val

                85                  90                  95
Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
            100                 105                 110
Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
        115                 120                 125
Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
    130                 135                 140
Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr

145                 150                 155                 160
Glu Ala Pro Ile Lys Gln
                165
<210> 95
<211> 621
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(598)
<223> FRXA02906
<400> 95
tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60
tagcaggaca agcatactgt tttagttcta tgctgtgggc atg act caa agt gct   115
                                          Met Thr Gln Ser Ala
                                            1               5
cca gaa ttc att gcc acc gca gac ctc gta gac atc atc ggc gac aac   163
Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp Ile Ile Gly Asp Asn
                10                  15                  20

gcg caa tca tgc gac act cag ttt caa aac ctt gga ggt gcc aca gaa   211
Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu Gly Gly Ala Thr Glu
            25                  30                  35
ttc cac gga ata ata acc acc gtg aaa tgc ttc caa gac aac gcc ctc   259
Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe Gln Asp Asn Ala Leu
        40                  45                  50
ctg aaa tcc atc ctg agc gag gat aat cct ggg gga gtg ctg gtt atc   307
Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly Gly Val Leu Val Ile

    55                  60                  65
gat ggc gac gca tcc gtg cac acc gcg cta gtt ggc gac atc att gca   355
Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val Gly Asp Ile Ile Ala
70                  75                  80                  85
gga ctt gga aaa gat cat ggt tgg tcc gga gta att gtc aac gga gca   403
Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val Ile Val Asn Gly Ala
                90                  95                  100
```

```
att cga gac tcc gca gtc atc ggc acc atg acc ttt ggt tgt aaa gcc   451

Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr Phe Gly Cys Lys Ala
            105                 110                 115
ctt gga acc aac ccg cgg aaa tcc act aaa act ggt tcc ggc gaa cga   499
Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr Gly Ser Gly Glu Arg
        120                 125                 130
gac gta gtg gta tcg att ggt ggc att gac ttc att cct ggt cat tac   547
Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe Ile Pro Gly His Tyr
    135                 140                 145

gtc tac gcg gac tct gac gga att atc gtc acc gag gcg cca att aag   595
Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr Glu Ala Pro Ile Lys
150                 155                 160                 165
cag taatttgttt tgacgacgca gta                                     621
Gln
<210> 96
<211> 166
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 96
Met Thr Gln Ser Ala Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp
  1               5                  10                  15
Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu

             20                  25                  30
Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
         35                  40                  45
Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
     50                  55                  60
Gly Val Leu Val Ile Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val
 65                  70                  75                  80
Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val

                 85                  90                  95
Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
            100                 105                 110
Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
        115                 120                 125
Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
    130                 135                 140
Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr

145                 150                 155                 160
Glu Ala Pro Ile Lys Gln
                165
<210> 97
<211> 1557
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1534)
<223> RXN00132
<400> 97
aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtggtgcgcg ttaaaaaagt 60
```

```
tttcctaatt ttcattttct taaaaggagc tcgccaggac atg gca cag gtt atg   115
                                            Met Ala Gln Val Met
                                              1               5
gac ttc aag gtt gcc gat ctt tca cta gca gag gca gga cgt cac cag   163
Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu Ala Gly Arg His Gln
                 10                  15                  20

att cgt ctt gca gag tat gag atg cca ggt ctc atg cag ttg cgc aag   211
Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu Met Gln Leu Arg Lys
             25                  30                  35
gaa ttc gca gac gag cag cct ttg aag ggc gcc cga att gct ggt tct   259
Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala Arg Ile Ala Gly Ser
         40                  45                  50
atc cac atg acg gtc cag acc gcc gtg ctt att gag acc ctc act gct   307
Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile Glu Thr Leu Thr Ala

     55                  60                  65
ttg ggc gct gag gtt cgt tgg gct tcc tgc aac att ttc tcc acc cag   355
Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn Ile Phe Ser Thr Gln
 70                  75                  80                  85
gat gag gct gca gcg gct atc gtt gtc ggc tcc ggc acc gtc gaa gag   403
Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser Gly Thr Val Glu Glu
                 90                  95                 100
cca gct ggt gtt cca gta ttc gcg tgg aag ggt gag tca ctg gag gag   451

Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly Glu Ser Leu Glu Glu
            105                 110                 115
tac tgg tgg tgc atc aac cag atc ttc agc tgg ggc gat gag ctg cca   499
Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp Gly Asp Glu Leu Pro
        120                 125                 130
aac atg atc ctc gac gac ggc ggt gac gcc acc atg gct gtt att cgc   547
Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr Met Ala Val Ile Arg
    135                 140                 145

ggt cgc gaa tac gag cag gct ggt ctg gtt cca cca gca gag gcc aac   595
Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro Pro Ala Glu Ala Asn
150                 155                 160                 165
gat tcc gat gag tac atc gca ttc ttg ggc atg ctg cgt gag gtt ctt   643
Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met Leu Arg Glu Val Leu
                170                 175                 180
gct gca gag cct ggc aag tgg ggc aag atc gct gag gcc gtt aag ggt   691
Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala Glu Ala Val Lys Gly

            185                 190                 195
gtc acc gag gaa acc acc acc ggt gtg cac cgc ctg tac cac ttc gct   739
Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg Leu Tyr His Phe Ala
        200                 205                 210
gaa gaa ggc gtg ctg cct ttc cca gcg atg aac gtc aac gac gct gtc   787
Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn Val Asn Asp Ala Val
    215                 220                 225
acc aag tcc aag ttt gat aac aag tac ggc acc cgc cac tcc ctg atc   835

Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr Arg His Ser Leu Ile
230                 235                 240                 245
gac ggc atc aac cgc gcc act gac atg ctc atg ggc ggc aag aac gtg   883
Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met Gly Gly Lys Asn Val
                250                 255                 260
```

```
ctt gtc tgc ggt tac ggc gat gtc ggc aag ggc tgc gct gag gct ttc   931
Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly Cys Ala Glu Ala Phe
            265                 270                 275

gac ggc cag ggc gct cgc gtc aag gtc acc gaa gct gac cca atc aac   979
Asp Gly Gln Gly Ala Arg Val Lys Val Thr Glu Ala Asp Pro Ile Asn
        280                 285                 290
gct ctt cag gct ctg atg gat ggc tac tct gtg gtc acc gtt gat gag   1027
Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val Val Thr Val Asp Glu
    295                 300                 305
gcc atc gag gac gcc gac atc gtg atc acc gcg acc ggc aac aag gac   1075
Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala Thr Gly Asn Lys Asp

310                 315                 320                 325
atc att tcc ttc gag cag atg ctc aag atg aag gat cac gct ctg ctg   1123
Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys Asp His Ala Leu Leu
                330                 335                 340
ggc aac atc ggt cac ttt gat aat gag atc gat atg cat tcc ctg ttg   1171
Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp Met His Ser Leu Leu
            345                 350                 355
cac cgc gac gac gtc acc cgc acc acg atc aag cca cag gtc gac gag   1219

His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys Pro Gln Val Asp Glu
        360                 365                 370
ttc acc ttc tcc acc ggt cgc tcc atc atc gtc ctg tcc gaa ggt cgc   1267
Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val Leu Ser Glu Gly Arg
    375                 380                 385
ctg ttg aac ctt ggc aac gcc acc gga cac cca tca ttt gtc atg tcc   1315
Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro Ser Phe Val Met Ser
390                 395                 400                 405

aac tct ttc gcc gat cag acc att gcg cag atc gaa ctg ttc caa aac   1363
Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile Glu Leu Phe Gln Asn
                410                 415                 420
gaa gga cag tac gag aac gag gtc tac cgt ctg cct aag gtt ctc gac   1411
Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu Pro Lys Val Leu Asp
            425                 430                 435
gaa aag gtg gca cgc atc cac gtt gag gct ctc ggc ggt cag ctc acc   1459
Glu Lys Val Ala Arg Ile His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr

        440                 445                 450
gaa ctg acc aag gag cag gct gag tac atc ggc gtt gac gtt gca ggc   1507
Glu Leu Thr Lys Glu Gln Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly
    455                 460                 465
cca ttc aag ccg gag cac tac cgc tac taatgattgt cagcattgag gga     1557
Pro Phe Lys Pro Glu His Tyr Arg Tyr
470                 475
<210> 98
<211> 478
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 98
Met Ala Gln Val Met Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu

  1               5                  10                  15
Ala Gly Arg His Gln Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu
             20                  25                  30
```

```
Met Gln Leu Arg Lys Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala
         35                  40                  45
Arg Ile Ala Gly Ser Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile
     50                  55                  60
Glu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn

 65                  70                  75                  80
Ile Phe Ser Thr Gln Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser
                 85                  90                  95
Gly Thr Val Glu Glu Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly
            100                 105                 110
Glu Ser Leu Glu Glu Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp
        115                 120                 125
Gly Asp Glu Leu Pro Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr

    130                 135                 140
Met Ala Val Ile Arg Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro
145                 150                 155                 160
Pro Ala Glu Ala Asn Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met
                165                 170                 175
Leu Arg Glu Val Leu Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala
            180                 185                 190
Glu Ala Val Lys Gly Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg

        195                 200                 205
Leu Tyr His Phe Ala Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn
    210                 215                 220
Val Asn Asp Ala Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr
225                 230                 235                 240
Arg His Ser Leu Ile Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met
                245                 250                 255
Gly Gly Lys Asn Val Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly

            260                 265                 270
Cys Ala Glu Ala Phe Asp Gly Gln Gly Ala Arg Val Lys Val Thr Glu
        275                 280                 285
Ala Asp Pro Ile Asn Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val
    290                 295                 300
Val Thr Val Asp Glu Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala
305                 310                 315                 320
Thr Gly Asn Lys Asp Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys

                325                 330                 335
Asp His Ala Leu Leu Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp
            340                 345                 350
Met His Ser Leu Leu His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys
        355                 360                 365
Pro Gln Val Asp Glu Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val
    370                 375                 380
Leu Ser Glu Gly Arg Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro

385                 390                 395                 400
Ser Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile
                405                 410                 415
Glu Leu Phe Gln Asn Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu
            420                 425                 430
Pro Lys Val Leu Asp Glu Lys Val Ala Arg Ile His Val Glu Ala Leu
```

```
        435                 440                 445
Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln Ala Glu Tyr Ile Gly

    450                 455                 460
Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His Tyr Arg Tyr
465                 470                 475
<210> 99
<211> 128
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(105)
<223> FRXA00132
<400> 99
cac gtt gag gct ctc ggc ggt cag ctc acc gaa ctg acc aag gag cag   48
His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln
  1               5                  10                  15
gct gag tac atc ggc gtt gac gtt gca ggc cca ttc aag ccg gag cac   96
Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His
             20                  25                  30
tac cgc tac taatgattgt cagcattgag gga                            128

Tyr Arg Tyr
         35
<210> 100
<211> 35
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 100
His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln
  1               5                  10                  15
Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His
             20                  25                  30
Tyr Arg Tyr
         35
<210> 101
<211> 1396
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1396)
<223> FRXA01371
<400> 101
aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtggtgcgcg ttaaaaaagt 60
tttcctaatt ttcattttct taaaaggagc tcgccaggac atg gca cag gtt atg   115
                                            Met Ala Gln Val Met
                                              1               5
gac ttc aag gtt gcc gat ctt tca cta gca gag gca gga cgt cac cag   163
Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu Ala Gly Arg His Gln
                10                  15                  20

att cgt ctt gca gag tat gag atg cca ggt ctc atg cag ttg cgc aag   211
Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu Met Gln Leu Arg Lys
```

```
            25                  30                  35
gaa ttc gca gac gag cag cct ttg aag ggc gcc cga att gct ggt tct   259
Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala Arg Ile Ala Gly Ser
        40                  45                  50
atc cac atg acg gtc cag acc gcc gtg ctt att gag acc ctc act gct   307
Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile Glu Thr Leu Thr Ala

    55                  60                  65
ttg ggc gct gag gtt cgt tgg gct tcc tgc aac att ttc tcc acc cag   355
Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn Ile Phe Ser Thr Gln
 70                  75                  80                  85
gat gag gct gca gcg gct atc gtt gtc ggc tcc ggc acc gtc gaa gag   403
Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser Gly Thr Val Glu Glu
                90                  95                  100
cca gct ggt gtt cca gta ttc gcg tgg aag ggt gag tca ctg gag gag   451

Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly Glu Ser Leu Glu Glu
            105                 110                 115
tac tgg tgg tgc atc aac cag atc ttc agc tgg ggc gat gag ctg cca   499
Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp Gly Asp Glu Leu Pro
        120                 125                 130
aac atg atc ctc gac gac ggc ggt gac gcc acc atg gct gtt att cgc   547
Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr Met Ala Val Ile Arg
    135                 140                 145

ggt cgc gaa tac gag cag gct ggt ctg gtt cca cca gca gag gcc aac   595
Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro Pro Ala Glu Ala Asn
150                 155                 160                 165
gat tcc gat gag tac atc gca ttc ttg ggc atg ctg cgt gag gtt ctt   643
Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met Leu Arg Glu Val Leu
                170                 175                 180
gct gca gag cct ggc aag tgg ggc aag atc gct gag gcc gtt aag ggt   691
Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala Glu Ala Val Lys Gly

            185                 190                 195
gtc acc gag gaa acc acc acc ggt gtg cac cgc ctg tac cac ttc gct   739
Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg Leu Tyr His Phe Ala
        200                 205                 210
gaa gaa ggc gtg ctg cct ttc cca gcg atg aac gtc aac gac gct gtc   787
Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn Val Asn Asp Ala Val
    215                 220                 225
acc aag tcc aag ttt gat aac aag tac ggc acc cgc cac tcc ctg atc   835

Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr Arg His Ser Leu Ile
230                 235                 240                 245
gac ggc atc aac cgc gcc act gac atg ctc atg ggc ggc aag aac gtg   883
Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met Gly Gly Lys Asn Val
                250                 255                 260
ctt gtc tgc ggt tac ggc gat gtc ggc aag ggc tgc gct gag gct ttc   931
Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly Cys Ala Glu Ala Phe
            265                 270                 275

gac ggc cag ggc gct cgc gtc aag gtc acc gaa gct gac cca atc aac   979
Asp Gly Gln Gly Ala Arg Val Lys Val Thr Glu Ala Asp Pro Ile Asn
        280                 285                 290
gct ctt cag gct ctg atg gat ggc tac tct gtg gtc acc gtt gat gag   1027
Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val Val Thr Val Asp Glu
```

```
    295                 300                 305
gcc atc gag gac gcc gac atc gtg atc acc gcg acc ggc aac aag gac   1075
Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala Thr Gly Asn Lys Asp

310                 315                 320                 325
atc att tcc ttc gag cag atg ctc aag atg aag gat cac gct ctg ctg   1123
Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys Asp His Ala Leu Leu
                330                 335                 340
ggc aac atc ggt cac ttt gat aat gag atc gat atg cat tcc ctg ttg   1171
Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp Met His Ser Leu Leu
            345                 350                 355
cac cgc gac gac gtc acc cgc acc acg atc aag cca cag gtc gac gag   1219

His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys Pro Gln Val Asp Glu
        360                 365                 370
ttc acc ttc tcc acc ggt cgc tcc atc atc gtc ctg tcc gaa ggt cgc   1267
Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val Leu Ser Glu Gly Arg
    375                 380                 385
ctg ttg aac ctt ggc aac gcc acc gga cac cca tca ttt gtc atg tcc   1315
Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro Ser Phe Val Met Ser
390                 395                 400                 405

aac tct ttc gcc gat cag acc att gcg cag atc gaa ctg ttc caa aac   1363
Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile Glu Leu Phe Gln Asn
                410                 415                 420
gaa gga cag tac gag aac gag gtc tac cgt ctg                       1396
Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu
            425                 430
<210> 102
<211> 432
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 102
Met Ala Gln Val Met Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu

  1               5                  10                  15
Ala Gly Arg His Gln Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu
             20                  25                  30
Met Gln Leu Arg Lys Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala
         35                  40                  45
Arg Ile Ala Gly Ser Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile
     50                  55                  60
Glu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn

 65                  70                  75                  80
Ile Phe Ser Thr Gln Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser
                 85                  90                  95
Gly Thr Val Glu Glu Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly
            100                 105                 110
Glu Ser Leu Glu Glu Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp
        115                 120                 125
Gly Asp Glu Leu Pro Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr

    130                 135                 140
Met Ala Val Ile Arg Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro
145                 150                 155                 160
Pro Ala Glu Ala Asn Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met
```

```
                165                 170                 175
Leu Arg Glu Val Leu Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala
            180                 185                 190
Glu Ala Val Lys Gly Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg

        195                 200                 205
Leu Tyr His Phe Ala Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn
    210                 215                 220
Val Asn Asp Ala Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr
225                 230                 235                 240
Arg His Ser Leu Ile Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met
                245                 250                 255
Gly Gly Lys Asn Val Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly

            260                 265                 270
Cys Ala Glu Ala Phe Asp Gly Gln Gly Ala Arg Val Lys Val Thr Glu
        275                 280                 285
Ala Asp Pro Ile Asn Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val
    290                 295                 300
Val Thr Val Asp Glu Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala
305                 310                 315                 320
Thr Gly Asn Lys Asp Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys

                325                 330                 335
Asp His Ala Leu Leu Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp
            340                 345                 350
Met His Ser Leu Leu His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys
        355                 360                 365
Pro Gln Val Asp Glu Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val
    370                 375                 380
Leu Ser Glu Gly Arg Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro

385                 390                 395                 400
Ser Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile
                405                 410                 415
Glu Leu Phe Gln Asn Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu
            420                 425                 430
<210> 103
<211> 2358
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(2335)
<223> RXN02085
<400> 103
cacccggtga tttcgcgaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tcctagccgg 60
gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt   115
                                            Met Thr Ser Asn Phe
                                              1               5
tct tcc act gtc gct ggt ctt cct cgc atc gga gcg aag cgt gaa ctg   163
Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly Ala Lys Arg Glu Leu
                10                  15                  20

aag ttc gcg ctc gaa ggc tac tgg aat gga tca att gaa ggt cgc gaa   211
Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser Ile Glu Gly Arg Glu
```

```
            25                  30                  35
ctt gcg cag acc gcc cgc caa ttg gtc aac act gca tcg gat tct ttg   259
Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr Ala Ser Asp Ser Leu
         40                  45                  50
tct gga ttg gat tcc gtt ccg ttt gca gga cgt tcc tac tac gac gca   307
Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg Ser Tyr Tyr Asp Ala

     55                  60                  65
atg ctc gat acc gcc gct att ttg ggt gtg ctg ccg gag cgt ttt gat   355
Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu Pro Glu Arg Phe Asp
 70                  75                  80                  85
gac atc gct gat cat gaa aac gat ggt ctc cca ctg tgg att gac cgc   403
Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro Leu Trp Ile Asp Arg
                 90                  95                 100
tac ttt ggc gct gct cgc ggt act gag acc ctg cct gca cag gca atg   451

Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu Pro Ala Gln Ala Met
            105                 110                 115
acc aag tgg ttt gat acc aac tac cac tac ctc gtg ccg gag ttg tct   499
Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu Val Pro Glu Leu Ser
        120                 125                 130
gcg gat aca cgt ttc gtt ttg gat gcg tcc gcg ctg att gag gat ctc   547
Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala Leu Ile Glu Asp Leu
    135                 140                 145

cgt tgc cag cag gtt cgt ggc gtt aat gcc cgc cct gtt ctg gtt ggt   595
Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg Pro Val Leu Val Gly
150                 155                 160                 165
cca ctg act ttc ctt tcc ctt gct cgc acc act gat ggt tcc aat cct   643
Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr Asp Gly Ser Asn Pro
                170                 175                 180
ttg gat cac ctg cct gca ctg ttt gag gtc tac gag cgc ctc atc aag   691
Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr Glu Arg Leu Ile Lys

            185                 190                 195
tct ttc gat act gag tgg gtt cag atc gat gag cct gcg ttg gtc acc   739
Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu Pro Ala Leu Val Thr
        200                 205                 210
gat gtt gct cct gag gtt ttg gag cag gtc cgc gct ggt tac acc act   787
Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg Ala Gly Tyr Thr Thr
    215                 220                 225
ttg gct aag cgc gat ggc gtg ttt gtc aat act tac ttc ggc tct ggc   835

Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr Tyr Phe Gly Ser Gly
230                 235                 240                 245
gat cag gcg ctg aac act ctt gcg ggc atc ggc ctt ggc gcg att ggc   883
Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Ala Ile Gly
                250                 255                 260
gtt gac ttg gtc acc cat ggc gtc act gag ctt gct gcg tgg aag ggt   931
Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu Ala Ala Trp Lys Gly
            265                 270                 275

gag gag ctg ctg gtt gcg ggc atc gtt gat ggt cgt aac att tgg cgc   979
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg
        280                 285                 290
acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc   1027
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg
```

```
    295                 300                 305
ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac   1075
Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu Leu His Val Pro Tyr

310                 315                 320                 325
acc ctc gag gct gag aac att gag cct gag gtc cgc gac tgg ctt gcc   1123
Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val Arg Asp Trp Leu Ala
                330                 335                 340
ttc ggc tcg gag aag atc acc gag gtc aag ctg ctt gcc gac gcc cta   1171
Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu Leu Ala Asp Ala Leu
            345                 350                 355
gcc ggc aac atc gac gcg gct gcg ttc gat gcg gcg tcc gca gca att   1219

Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ser Ala Ala Ile
        360                 365                 370
gct tct cga cgc acc tcc cca cgc acc gca cca atc acg cag gaa ctc   1267
Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro Ile Thr Gln Glu Leu
    375                 380                 385
cct ggc cgt agc cgt gga tcc ttc gac act cgt gtt acg ctg cag gag   1315
Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg Val Thr Leu Gln Glu
390                 395                 400                 405

aag tca ctg gag ctt cca gct ctg cca acc acc acc att ggt tct ttc   1363
Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe
                410                 415                 420
cca cag acc cca tcc att cgt tct gct cgc gct cgt ctg cgc aag gaa   1411
Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala Arg Leu Arg Lys Glu
            425                 430                 435
tcc atc act ttg gag cag tac gaa gag gca atg cgc gaa gaa atc gat   1459
Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met Arg Glu Glu Ile Asp

        440                 445                 450
ctg gtc atc gcc aag cag gaa gaa ctt ggt ctt gat gtg ttg gtt cac   1507
Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu Asp Val Leu Val His
    455                 460                 465
ggt gag cca gag cgc aac gac atg gtt cag tac ttc tct gaa ctt ctc   1555
Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu
470                 475                 480                 485
gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc   1603

Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser
                490                 495                 500
cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg   1651
Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala
            505                 510                 515
cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag   1699
Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys
        520                 525                 530

cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc   1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser
    535                 540                 545
ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca   1795
Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala
550                 555                 560                 565
ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag   1843
```

```
Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys

                570                 575                 580
atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccg cta cga   1891
Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Leu Arg
            585                 590                 595
gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc   1939
Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg
        600                 605                 610
ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac gtc caa atc cac acc cac atg   1987

Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln Ile His Thr His Met
    615                 620                 625
tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc tcc tcg gtc atc gcg ttg gat   2035
Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp
630                 635                 640                 645
gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca cgt tcc gac atg cag gtc ctc   2083
Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser Asp Met Gln Val Leu
                650                 655                 660

gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag ctc ggc gtc gga cct ggt gtg   2131
Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly Val Gly Pro Gly Val
            665                 670                 675
tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct tcc gcg cag aaa gtg gac ggt   2179
Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly
        680                 685                 690
ctc ctc gag gct gca ctg cag tcc gtg gat cct cgc cag ctg tgg gtc   2227
Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val

    695                 700                 705
aac cca gac tgt ggt ctg aag acc cgt gga tgg cca gaa gtg gaa gct   2275
Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala
710                 715                 720                 725
tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct aag cag gct cgt gag aaa atc   2323
Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile
                730                 735                 740
gga gca act atc taaattgggt taccgctagg aac                        2358

Gly Ala Thr Ile
            745
<210> 104
<211> 745
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 104
Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly
  1               5                  10                  15
Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser
             20                  25                  30
Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr
         35                  40                  45

Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg
     50                  55                  60
Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu
 65                  70                  75                  80
Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro
```

```
                85                  90                  95
Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu
            100                 105                 110

Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu
        115                 120                 125
Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala
    130                 135                 140
Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg
145                 150                 155                 160
Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr
                165                 170                 175

Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr
            180                 185                 190
Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu
        195                 200                 205
Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg
    210                 215                 220
Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225                 230                 235                 240

Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
                245                 250                 255
Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu
            260                 265                 270
Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
        275                 280                 285
Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
    290                 295                 300

Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305                 310                 315                 320
Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val
                325                 330                 335
Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
            340                 345                 350
Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala
        355                 360                 365

Ala Ser Ala Ala Ile Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro
    370                 375                 380
Ile Thr Gln Glu Leu Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg
385                 390                 395                 400
Val Thr Leu Gln Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr
                405                 410                 415
Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala
            420                 425                 430

Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met
        435                 440                 445
Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu
    450                 455                 460
Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr
465                 470                 475                 480
Phe Ser Glu Leu Leu Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val
```

```
                485                 490                 495

Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn
            500                 505                 510
Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln
        515                 520                 525
Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr
    530                 535                 540
Ile Leu Ala Trp Ser Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr
545                 550                 555                 560

Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile
                565                 570                 575
Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu
            580                 585                 590
Leu Leu Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser
        595                 600                 605
Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln
    610                 615                 620

Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser
625                 630                 635                 640
Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser
                645                 650                 655
Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly
            660                 665                 670
Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala
        675                 680                 685

Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro
    690                 695                 700
Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp
705                 710                 715                 720
Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln
                725                 730                 735
Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile
            740                 745
<210> 105
<211> 1923
<212> DNA
<213
> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1900)
<223> FRXA02085
<400> 105
cacccggtga tttcgcgaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tcctagccgg 60
gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt   115
                                          Met Thr Ser Asn Phe
                                            1               5
tct tcc act gtc gct ggt ctt cct cgc atc gga gcg aag cgt gaa ctg   163
Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly Ala Lys Arg Glu Leu
                10                  15                  20

aag ttc gcg ctc gaa ggc tac tgg aat gga tca att gaa ggt cgc gaa   211
```

```
Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser Ile Glu Gly Arg Glu
            25                  30                  35
ctt gcg cag acc gcc cgc caa ttg gtc aac act gca tcg gat tct ttg   259
Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr Ala Ser Asp Ser Leu
        40                  45                  50
tct gga ttg gat tcc gtt ccg ttt gca gga cgt tcc tac tac gac gca   307
Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg Ser Tyr Tyr Asp Ala

    55                  60                  65
atg ctc gat acc gcc gct att ttg ggt gtg ctg ccg gag cgt ttt gat   355
Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu Pro Glu Arg Phe Asp
70                  75                  80                  85
gac atc gct gat cat gaa aac gat ggt ctc cca ctg tgg att gac cgc   403
Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro Leu Trp Ile Asp Arg
                90                  95                  100
tac ttt ggc gct gct cgc ggt act gag acc ctg cct gca cag gca atg   451

Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu Pro Ala Gln Ala Met
            105                 110                 115
acc aag tgg ttt gat acc aac tac cac tac ctc gtg ccg gag ttg tct   499
Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu Val Pro Glu Leu Ser
        120                 125                 130
gcg gat aca cgt ttc gtt ttg gat gcg tcc gcg ctg att gag gat ctc   547
Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala Leu Ile Glu Asp Leu
    135                 140                 145

cgt tgc cag cag gtt cgt ggc gtt aat gcc cgc cct gtt ctg gtt ggt   595
Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg Pro Val Leu Val Gly
150                 155                 160                 165
cca ctg act ttc ctt tcc ctt gct cgc acc act gat ggt tcc aat cct   643
Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr Asp Gly Ser Asn Pro
                170                 175                 180
ttg gat cac ctg cct gca ctg ttt gag gtc tac gag cgc ctc atc aag   691
Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr Glu Arg Leu Ile Lys

            185                 190                 195
tct ttc gat act gag tgg gtt cag atc gat gag cct gcg ttg gtc acc   739
Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu Pro Ala Leu Val Thr
        200                 205                 210
gat gtt gct cct gag gtt ttg gag cag gtc cgc gct ggt tac acc act   787
Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg Ala Gly Tyr Thr Thr
    215                 220                 225
ttg gct aag cgc gat ggc gtg ttt gtc aat act tac ttc ggc tct ggc   835

Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr Tyr Phe Gly Ser Gly
230                 235                 240                 245
gat cag gcg ctg aac act ctt gcg ggc atc ggc ctt ggc gcg att ggc   883
Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Ala Ile Gly
                250                 255                 260
gtt gac ttg gtc acc cat ggc gtc act gag ctt gct gcg tgg aag ggt   931
Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu Ala Ala Trp Lys Gly
            265                 270                 275

gag gag ctg ctg gtt gcg ggc atc gtt gat ggt cgt aac att tgg cgc   979
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg
        280                 285                 290
acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc   1027
```

```
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg
    295                 300                 305
ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac   1075
Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu Leu His Val Pro Tyr

310                 315                 320                 325
acc ctc gag gct gag aac att gag cct gag gtc cgc gac tgg ctt gcc   1123
Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val Arg Asp Trp Leu Ala
                330                 335                 340
ttc ggc tcg gag aag atc acc gag gtc aag ctg ctt gcc gac gcc cta   1171
Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu Leu Ala Asp Ala Leu
            345                 350                 355
gcc ggc aac atc gac gcg gct gcg ttc gat gcg gcg tcc gca gca att   1219

Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ser Ala Ala Ile
        360                 365                 370
gct tct cga cgc acc tcc cca cgc acc gca cca atc acg cag gaa ctc   1267
Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro Ile Thr Gln Glu Leu
    375                 380                 385
cct ggc cgt agc cgt gga tcc ttc gac act cgt gtt acg ctg cag gag   1315
Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg Val Thr Leu Gln Glu
390                 395                 400                 405

aag tca ctg gag ctt cca gct ctg cca acc acc acc att ggt tct ttc   1363
Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe
                410                 415                 420
cca cag acc cca tcc att cgt tct gct cgc gct cgt ctg cgc aag gaa   1411
Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala Arg Leu Arg Lys Glu
            425                 430                 435
tcc atc act ttg gag cag tac gaa gag gca atg cgc gaa gaa atc gat   1459
Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met Arg Glu Glu Ile Asp

        440                 445                 450
ctg gtc atc gcc aag cag gaa gaa ctt ggt ctt gat gtg ttg gtt cac   1507
Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu Asp Val Leu Val His
    455                 460                 465
ggt gag cca gag cgc aac gac atg gtt cag tac ttc tct gaa ctt ctc   1555
Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu
470                 475                 480                 485
gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc   1603

Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser
                490                 495                 500
cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg   1651
Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala
            505                 510                 515
cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag   1699
Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys
        520                 525                 530

cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc   1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser
    535                 540                 545
ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca   1795
Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala
550                 555                 560                 565
ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag   1843
```

```
Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys

               570                 575                 580
atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccc gct acg   1891
Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Ala Thr
           585                 590                 595
aga cgt cga taagcctgcc tacctgcagt ggt                             1923
Arg Arg Arg
        600
<210> 106
<211> 600
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 106
Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly

  1               5                  10                  15
Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser
             20                  25                  30
Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr
         35                  40                  45
Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg
     50                  55                  60
Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu

 65                  70                  75                  80
Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro
                 85                  90                  95
Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu
            100                 105                 110
Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu
        115                 120                 125
Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala

    130                 135                 140
Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg
145                 150                 155                 160
Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr
                165                 170                 175
Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr
            180                 185                 190
Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu

        195                 200                 205
Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg
    210                 215                 220
Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225                 230                 235                 240
Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
                245                 250                 255
Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu

            260                 265                 270
Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
        275                 280                 285
Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
    290                 295                 300
```

```
Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305                 310                 315                 320
Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val

                325                 330                 335
Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
            340                 345                 350
Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala
        355                 360                 365
Ala Ser Ala Ala Ile Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro
    370                 375                 380
Ile Thr Gln Glu Leu Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg

385                 390                 395                 400
Val Thr Leu Gln Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr
                405                 410                 415
Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala
            420                 425                 430
Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met
        435                 440                 445
Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu

    450                 455                 460
Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr
465                 470                 475                 480
Phe Ser Glu Leu Leu Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val
                485                 490                 495
Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn
            500                 505                 510
Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln

        515                 520                 525
Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr
    530                 535                 540
Ile Leu Ala Trp Ser Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr
545                 550                 555                 560
Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile
                565                 570                 575
Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu

            580                 585                 590
Leu Leu Pro Ala Thr Arg Arg Arg
        595                 600
<210> 107
<211> 603
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(580)
<223> FRXA02086
<400> 107
gatgatcagc cgctggctac cactgctgac caggttgcac tggcactgcg cgatgaaatt 60
aacgatctca tcgaggctgg cgcgaagatc atccaggtgg atg agc ctg cga ttc   115
                                          Met Ser Leu Arg Phe
                                            1               5
```

```
gtg aac tgt tgc ccg cta cga gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag   163
Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln
                10                  15                  20

tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac   211
Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp
            25                  30                  35
gtc caa atc cac acc cac atg tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc   259
Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile
        40                  45                  50
tcc tcg gtc atc gcg ttg gat gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca   307
Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala

    55                  60                  65
cgt tcc gac atg cag gtc ctc gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag   355
Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu
70                  75                  80                  85
ctc ggc gtc gga cct ggt gtg tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct   403
Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro
                90                  95                  100
tcc gcg cag aaa gtg gac ggt ctc ctc gag gct gca ctg cag tcc gtg   451

Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val
            105                 110                 115
gat cct cgc cag ctg tgg gtc aac cca gac tgt ggt ctg aag acc cgt   499
Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg
        120                 125                 130
gga tgg cca gaa gtg gaa gct tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct   547
Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala
    135                 140                 145

aag cag gct cgt gag aaa atc gga gca act atc taaattgggt taccgctagg 600
Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile
150                 155                 160
aac                                                               603
<210> 108
<211> 160
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 108
Met Ser Leu Arg Phe Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys
  1               5                  10                  15
Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala

            20                  25                  30
Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu
        35                  40                  45
Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr
    50                  55                  60
Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys
65                  70                  75                  80
Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His

                85                  90                  95
Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala
            100                 105                 110
Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys
```

```
        115                 120                 125
Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val
    130                 135                 140
Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile

145                 150                 155                 160
<210> 109
<211> 1326
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1303)
<223> RXN02648
<400> 109
atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60
gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc   115
                                          Met Ser Gln Asn Arg
                                            1               5
atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt   163
Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu
                10                  15                  20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc   211
Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile Gly Glu Glu Glu Phe
            25                  30                  35
ttc cag att ctg cag tct tct gta gat gac gtg atc aag cgc cag gtt   259
Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val Ile Lys Arg Gln Val
        40                  45                  50
gac ctg ggt atc gac atc ctt aac gag ggc gaa tac ggc cac gtc acc   307
Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu Tyr Gly His Val Thr

    55                  60                  65
tcc ggt gca gtt gac ttc ggt gca tgg tgg aac tac tcc ttc acc cgc   355
Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn Tyr Ser Phe Thr Arg
70                  75                  80                  85
ctg ggc gga ctg acc atg acc gat acc gac cgt tgg gca agc cag gaa   403
Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg Trp Ala Ser Gln Glu
                90                  95                  100
gca gtg cgt tcc acc cct ggc aac atc gag ctg acc agc ttc tct gat   451

Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu Thr Ser Phe Ser Asp
            105                 110                 115
cgt cgc gac cgc gca ttg ttc agc gaa gca tac gag gat cca gta tct   499
Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr Glu Asp Pro Val Ser
        120                 125                 130
ggc atc ttc acc ggt cgc gct tct gtg ggc aac cca gag ttc acc gga   547
Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn Pro Glu Phe Thr Gly
    135                 140                 145

cct att acc tac att ggc cag gaa gaa act cag acg gat gtt gat ctg   595
Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln Thr Asp Val Asp Leu
150                 155                 160                 165
ctg aag aag ggc atg aac gca gcg gga gct acc gac ggc ttc gtt gca   643
Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr Asp Gly Phe Val Ala
                170                 175                 180
```

```
gca cta tcc cca gga tct gca gct cga ttg acc aac aag ttc tac gac   691
Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr Asn Lys Phe Tyr Asp

            185                 190                 195
act gat gaa gaa gtc gtc gca gca tgt gct gat gcg ctt tcc cag gaa   739
Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu
        200                 205                 210
tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca ccg   787
Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala Pro
    215                 220                 225
gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca agc gtg aag   835

Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro Ser Val Lys
230                 235                 240                 245
gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc aac agt gca   883
Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile Asn Ser Ala
                250                 255                 260
gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc tgc tgg ggc   931
Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile Cys Trp Gly
            265                 270                 275

tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt gac atc att   979
Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly Asp Ile Ile
        280                 285                 290
ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc gaa ggc gca   1027
Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe Glu Gly Ala
    295                 300                 305
tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa aac aag ctt   1075
Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu Asn Lys Leu

310                 315                 320                 325
cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac tcc atc aac   1123
Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His Ser Ile Asn
                330                 335                 340
gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt cag ttc gcc   1171
Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val Gln Phe Ala
            345                 350                 355
aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac tgt ggt ctg   1219

Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp Cys Gly Leu
        360                 365                 370
ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg gag tcc cta   1267
Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu Glu Ser Leu
    375                 380                 385
gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc taagctagac        1313
Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
390                 395                 400

aacgagggtt gct                                                   1326
<210> 110
<211> 401
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 110
Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
  1               5                  10                  15
Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
```

```
             20                  25                  30
Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
         35                  40                  45

Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
     50                  55                  60
Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
 65                  70                  75                  80
Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
                 85                  90                  95
Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
            100                 105                 110

Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
        115                 120                 125
Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
    130                 135                 140
Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
145                 150                 155                 160
Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
                165                 170                 175

Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
            180                 185                 190
Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
        195                 200                 205
Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
    210                 215                 220
Gln Leu Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro
225                 230                 235                 240

Glu Pro Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp
                245                 250                 255
Ala Ile Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu
            260                 265                 270
His Ile Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro
        275                 280                 285
Phe Gly Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe
    290                 295                 300

Ser Phe Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp
305                 310                 315                 320
Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val
                325                 330                 335
Ser His Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg
            340                 345                 350
Ile Val Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser
        355                 360                 365

Thr Asp Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala
    370                 375                 380
Lys Leu Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu
385                 390                 395                 400
Phe
<210> 111
<211> 548
<212> DNA
```

<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(525)
<223> FRXA02648
<400> 111

```
gac gca ccg gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca   48
Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro
  1               5                  10                  15
agc gtg aag gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc   96
Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile
             20                  25                  30
aac agt gca gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc   144

Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile
         35                  40                  45
tgc tgg ggc tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt   192
Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly
     50                  55                  60
gac atc att ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc   240
Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe
 65                  70                  75                  80

gaa ggc gca tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa   288
Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu
                 85                  90                  95
aac aag ctt cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac   336
Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His
            100                 105                 110
tcc atc aac gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt   384
Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val

        115                 120                 125
cag ttc gcc aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac   432
Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp
    130                 135                 140
tgt ggt ctg ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg   480
Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu
145                 150                 155                 160
gag tcc cta gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc       525

Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
                165                 170                 175
taagctagac aacgagggtt gct                                        548
```

<210> 112
<211> 175
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 112

```
Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro
  1               5                  10                  15
Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile
             20                  25                  30

Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile
         35                  40                  45
```

```
Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly
     50                  55                  60
Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe
 65                  70                  75                  80
Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu
                 85                  90                  95

Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His
            100                 105                 110
Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val
        115                 120                 125
Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp
    130                 135                 140
Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu
145                 150                 155                 160

Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
                165                 170                 175
<210> 113
<211> 784
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(784)
<223> FRXA02658
<400> 113
atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60
gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc   115
                                          Met Ser Gln Asn Arg
                                            1               5
atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt   163
Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu
                10                  15                  20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc   211
Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile Gly Glu Glu Glu Phe
            25                  30                  35
ttc cag att ctg cag tct tct gta gat gac gtg atc aag cgc cag gtt   259
Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val Ile Lys Arg Gln Val
        40                  45                  50
gac ctg ggt atc gac atc ctt aac gag ggc gaa tac ggc cac gtc acc   307
Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu Tyr Gly His Val Thr

    55                  60                  65
tcc ggt gca gtt gac ttc ggt gca tgg tgg aac tac tcc ttc acc cgc   355
Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn Tyr Ser Phe Thr Arg
 70                  75                  80                  85
ctg ggc gga ctg acc atg acc gat acc gac cgt tgg gca agc cag gaa   403
Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg Trp Ala Ser Gln Glu
                90                  95                  100
gca gtg cgt tcc acc cct ggc aac atc gag ctg acc agc ttc tct gat   451

Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu Thr Ser Phe Ser Asp
            105                 110                 115
cgt cgc gac cgc gca ttg ttc agc gaa gca tac gag gat cca gta tct   499
```

```
Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr Glu Asp Pro Val Ser
        120                 125                 130
ggc atc ttc acc ggt cgc gct tct gtg ggc aac cca gag ttc acc gga   547
Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn Pro Glu Phe Thr Gly
    135                 140                 145

cct att acc tac att ggc cag gaa gaa act cag acg gat gtt gat ctg   595
Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln Thr Asp Val Asp Leu
150                 155                 160                 165
ctg aag aag ggc atg aac gca gcg gga gct acc gac ggc ttc gtt gca   643
Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr Asp Gly Phe Val Ala
                170                 175                 180
gca cta tcc cca gga tct gca gct cga ttg acc aac aag ttc tac gac   691
Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr Asn Lys Phe Tyr Asp

            185                 190                 195
act gat gaa gaa gtc gtc gca gca tgt gct gat gcg ctt tcc cag gaa   739
Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu
        200                 205                 210
tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca       784
Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala
    215                 220                 225
<210> 114
<211> 228
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 114
Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
  1               5                  10                  15
Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
             20                  25                  30
Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
         35                  40                  45
Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
     50                  55                  60

Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
 65                  70                  75                  80
Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
                 85                  90                  95
Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
            100                 105                 110
Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
        115                 120                 125

Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
    130                 135                 140
Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
145                 150                 155                 160
Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
                165                 170                 175
Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
            180                 185                 190

Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
        195                 200                 205
```

Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
210 215 220
Gln Leu Asp Ala
225
<210> 115
<211> 408
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(385)
<223> RXC02238
<400> 115
ggcgcttagc caaaacatag agcggtaggg tatgcttatc cgattgagca acctttcccg 60
ctcttaacac tactgtccat atacttttga aaaggtgtca gtg acc aac gtg agc 115
Val Thr Asn Val Ser
1 5
aac gag acc aac gcc acc aag gcc gtc ttc gat ccg cca gtg ggc att 163
Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp Pro Pro Val Gly Ile
10 15 20

acc gct cct ccg atc gat gaa ctg ctg gat aag gtc act tcc aag tac 211
Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys Val Thr Ser Lys Tyr
25 30 35
gcc ctc gtg atc ttc gca gcc aag cgt gcg cgc cag atc aac agc ttc 259
Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg Gln Ile Asn Ser Phe
40 45 50
tac cat cag gca gat gag gga gta ttc gag ttc atc gga cca ttg gtt 307
Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe Ile Gly Pro Leu Val

55 60 65
act ccg cag cca ggc gaa aag cca ctt tct att gct ctg cgt gag atc 355
Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile Ala Leu Arg Glu Ile
70 75 80 85
aat gca ggt ctg ttg gac cac gag gaa ggt taaaagacct tataacttca 405
Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly
90 95
cac 408
<210> 116
<211
> 95
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 116
Val Thr Asn Val Ser Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp
1 5 10 15
Pro Pro Val Gly Ile Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys
20 25 30
Val Thr Ser Lys Tyr Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg
35 40 45
Gln Ile Asn Ser Phe Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe

50 55 60
Ile Gly Pro Leu Val Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile
65 70 75 80
Ala Leu Arg Glu Ile Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly

```
                85                  90                  95

<210> 117
<211> 1827
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1804)
<223> RXC00128
<400> 117
ccattttccg tttggtcttg cctaaagaac cgcatggaaa ttatcgtgaa gcaccgatcc 60
cgttgatcgc tccagagaca ccgtgggaag gggagcagca gtg agt aaa att tcg   115
                                            Val Ser Lys Ile Ser
                                              1               5
acg aaa ctg aag gcc ctc acc gcg gtg ctg tct gtg acc act ctg gtg   163
Thr Lys Leu Lys Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser Val Thr Thr Leu Val
                10                  15                  20

gct ggg tgt tcc acg ctt ccg cag aac acg gat ccg caa gtg ctg cgc   211
Ala Gly Cys Ser Thr Leu Pro Gln Asn Thr Asp Pro Gln Val Leu Arg
            25                  30                  35
tca ttt tcc ggg tcc caa agc aca caa gag ata gca ggg ccg acc ccg   259
Ser Phe Ser Gly Ser Gln Ser Thr Gln Glu Ile Ala Gly Pro Thr Pro
        40                  45                  50
aat caa gat ccg gat ttg ttg atc cgc ggc ttc ttc agc gca ggt gcg   307
Asn Gln Asp Pro Asp Leu Leu Ile Arg Gly Phe Phe Ser Ala Gly Ala

    55                  60                  65
tat ccg act cag cag tat gaa gcg gcg aag gcg tat ctg acg gaa ggg   355
Tyr Pro Thr Gln Gln Tyr Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Leu Thr Glu Gly
 70                  75                  80                  85
acg cgc agc acg tgg aat ccg gct gcg tcg act cgt att ttg gat cgc   403
Thr Arg Ser Thr Trp Asn Pro Ala Ala Ser Thr Arg Ile Leu Asp Arg
                90                  95                  100
att gat ctg aac act ctg cca ggt tcg acg aat gcg gaa cga acg att   451

Ile Asp Leu Asn Thr Leu Pro Gly Ser Thr Asn Ala Glu Arg Thr Ile
            105                 110                 115
gcg atc cgt gga acg cag gtc gga acg ttg ctc agc ggt ggc gtg tat   499
Ala Ile Arg Gly Thr Gln Val Gly Thr Leu Leu Ser Gly Gly Val Tyr
        120                 125                 130
cag ccg gag aat gcg gag ttt gaa gct gag atc acg atg cgt cgg gaa   547
Gln Pro Glu Asn Ala Glu Phe Glu Ala Glu Ile Thr Met Arg Arg Glu
    135                 140                 145

gat ggg gag tgg cgt atc gat gct ttg ccg gac ggg att tta tta gag   595
Asp Gly Glu Trp Arg Ile Asp Ala Leu Pro Asp Gly Ile Leu Leu Glu
150                 155                 160                 165
aga aac gat ctg cgg aac cat tac act ccg cac gat gtg tat ttc ttt   643
Arg Asn Asp Leu Arg Asn His Tyr Thr Pro His Asp Val Tyr Phe Phe
                170                 175                 180
gat cct tct ggc cag gtg ttg gtg ggg gat cgg cgt tgg ttg ttc aat   691
Asp Pro Ser Gly Gln Val Leu Val Gly Asp Arg Arg Trp Leu Phe Asn

            185                 190                 195
gag tcg cag tcg atg tcc acg gtg ctg atg gcc ctt ctg gtt aat ggt   739
```

```
Glu Ser Gln Ser Met Ser Thr Val Leu Met Ala Leu Leu Val Asn Gly
        200                 205                 210
cct tcg ccg gca att tct cct ggt gtg gtc aat cag ctg tcc acg gat   787
Pro Ser Pro Ala Ile Ser Pro Gly Val Val Asn Gln Leu Ser Thr Asp
    215                 220                 225
gcg tcg ttc gtg ggg ttc aat gat ggg gag tat cag ttc act ggt ttg   835

Ala Ser Phe Val Gly Phe Asn Asp Gly Glu Tyr Gln Phe Thr Gly Leu
230                 235                 240                 245
gga aat ttg gat gat gat gcg cgt ttg cgt ttc gcc gcc cag gcc gtg   883
Gly Asn Leu Asp Asp Asp Ala Arg Leu Arg Phe Ala Ala Gln Ala Val
                250                 255                 260
tgg acg ttg gcg cat gct gat gtc gca ggc ccc tac act ttg gtc gct   931
Trp Thr Leu Ala His Ala Asp Val Ala Gly Pro Tyr Thr Leu Val Ala
            265                 270                 275

gac ggc gcg ccg ttg ctg tcg gag ttc cca acg ctc acc acc gat gac   979
Asp Gly Ala Pro Leu Leu Ser Glu Phe Pro Thr Leu Thr Thr Asp Asp
        280                 285                 290
ctc gcc gaa tac aac cca gag gct tac acc aac acg gtg tcc acg ttg   1027
Leu Ala Glu Tyr Asn Pro Glu Ala Tyr Thr Asn Thr Val Ser Thr Leu
    295                 300                 305
ttt gcg ttg cag gat gga tcg ttg tcg agg gtc agt tcc ggc aat gtg   1075
Phe Ala Leu Gln Asp Gly Ser Leu Ser Arg Val Ser Ser Gly Asn Val

310                 315                 320                 325
agt cca cta cag ggc att tgg agc ggt gga gat atc gat tct gca gcg   1123
Ser Pro Leu Gln Gly Ile Trp Ser Gly Gly Asp Ile Asp Ser Ala Ala
                330                 335                 340
att tcc tcc tcc gcc aat gtg gtg gca gcg gta cgc cac gaa aac aac   1171
Ile Ser Ser Ser Ala Asn Val Val Ala Ala Val Arg His Glu Asn Asn
            345                 350                 355
gag gca gtg ctt act gtt ggc tcc atg gaa ggc gtg act tca gat gcg   1219

Glu Ala Val Leu Thr Val Gly Ser Met Glu Gly Val Thr Ser Asp Ala
        360                 365                 370
ttg agg agt gaa acg atc act cgt ccc acc ttt gaa tac gcg tcg agt   1267
Leu Arg Ser Glu Thr Ile Thr Arg Pro Thr Phe Glu Tyr Ala Ser Ser
    375                 380                 385
ggg ttg tgg gct gtg gtg gat ggg gag acg cct gtc cga gtc gca cga   1315
Gly Leu Trp Ala Val Val Asp Gly Glu Thr Pro Val Arg Val Ala Arg
390                 395                 400                 405

tcg gca aca acc ggt gag ctc gtc cag acg gag gcg gag att gtg ctg   1363
Ser Ala Thr Thr Gly Glu Leu Val Gln Thr Glu Ala Glu Ile Val Leu
                410                 415                 420
cca agg gat gtg acg ggt ccg atc tct gaa ttc caa ctg tca cga act   1411
Pro Arg Asp Val Thr Gly Pro Ile Ser Glu Phe Gln Leu Ser Arg Thr
            425                 430                 435
ggg gtc cgg gcc gcc atg atc att gaa ggc aag gtg tac gtg ggc gtc   1459
Gly Val Arg Ala Ala Met Ile Ile Glu Gly Lys Val Tyr Val Gly Val

        440                 445                 450
gta acg cgt cct ggt ccg ggc gag cgg cgc gtg aca aat atc acg gag   1507
Val Thr Arg Pro Gly Pro Gly Glu Arg Arg Val Thr Asn Ile Thr Glu
    455                 460                 465
gtg gcg ccg agc ttg ggc gag gcg gcg ctg tcg atc aac tgg cgc cca   1555
```

```
Val Ala Pro Ser Leu Gly Glu Ala Ala Leu Ser Ile Asn Trp Arg Pro
470                 475                 480                 485
gac ggc att ttg ctt gtg ggc acg tca att cca gag acg ccg ctg tgg   1603

Asp Gly Ile Leu Leu Val Gly Thr Ser Ile Pro Glu Thr Pro Leu Trp
                490                 495                 500
cgc gtc gag cag gac gga tcg gcg att tcg tcg atg ccg agc ggg aat   1651
Arg Val Glu Gln Asp Gly Ser Ala Ile Ser Ser Met Pro Ser Gly Asn
            505                 510                 515
ctc agc gcg ccg gtg gtg gcg gtg gca agt tcc gcg acg acg gtc tac   1699
Leu Ser Ala Pro Val Val Ala Val Ala Ser Ser Ala Thr Thr Val Tyr
        520                 525                 530

gtc act gat tcg cat gcg atg ctt cag ctg ccg act gcc gat aat gat   1747
Val Thr Asp Ser His Ala Met Leu Gln Leu Pro Thr Ala Asp Asn Asp
    535                 540                 545
att tgg cgc gag gtg ccc ggt ttg ctg ggc acg cgt gcg gcg ccg gtg   1795
Ile Trp Arg Glu Val Pro Gly Leu Leu Gly Thr Arg Ala Ala Pro Val
550                 555                 560                 565
gtt gcg tac tgatggagct gttcttcccg cgc                             1827
Val Ala Tyr
<210> 118
<211
> 568
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 118
Val Ser Lys Ile Ser Thr Lys Leu Lys Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser
  1               5                  10                  15
Val Thr Thr Leu Val Ala Gly Cys Ser Thr Leu Pro Gln Asn Thr Asp
             20                  25                  30
Pro Gln Val Leu Arg Ser Phe Ser Gly Ser Gln Ser Thr Gln Glu Ile
         35                  40                  45
Ala Gly Pro Thr Pro Asn Gln Asp Pro Asp Leu Leu Ile Arg Gly Phe

     50                  55                  60
Phe Ser Ala Gly Ala Tyr Pro Thr Gln Gln Tyr Glu Ala Ala Lys Ala
 65                  70                  75                  80
Tyr Leu Thr Glu Gly Thr Arg Ser Thr Trp Asn Pro Ala Ala Ser Thr
                 85                  90                  95
Arg Ile Leu Asp Arg Ile Asp Leu Asn Thr Leu Pro Gly Ser Thr Asn
            100                 105                 110
Ala Glu Arg Thr Ile Ala Ile Arg Gly Thr Gln Val Gly Thr Leu Leu

        115                 120                 125
Ser Gly Gly Val Tyr Gln Pro Glu Asn Ala Glu Phe Glu Ala Glu Ile
    130                 135                 140
Thr Met Arg Arg Glu Asp Gly Glu Trp Arg Ile Asp Ala Leu Pro Asp
145                 150                 155                 160
Gly Ile Leu Leu Glu Arg Asn Asp Leu Arg Asn His Tyr Thr Pro His
                165                 170                 175
Asp Val Tyr Phe Phe Asp Pro Ser Gly Gln Val Leu Val Gly Asp Arg

            180                 185                 190
Arg Trp Leu Phe Asn Glu Ser Gln Ser Met Ser Thr Val Leu Met Ala
        195                 200                 205
Leu Leu Val Asn Gly Pro Ser Pro Ala Ile Ser Pro Gly Val Val Asn
```

```
    210                 215                 220
Gln Leu Ser Thr Asp Ala Ser Phe Val Gly Phe Asn Asp Gly Glu Tyr
225                 230                 235                 240
Gln Phe Thr Gly Leu Gly Asn Leu Asp Asp Asp Ala Arg Leu Arg Phe

                245                 250                 255
Ala Ala Gln Ala Val Trp Thr Leu Ala His Ala Asp Val Ala Gly Pro
            260                 265                 270
Tyr Thr Leu Val Ala Asp Gly Ala Pro Leu Leu Ser Glu Phe Pro Thr
        275                 280                 285
Leu Thr Thr Asp Asp Leu Ala Glu Tyr Asn Pro Glu Ala Tyr Thr Asn
    290                 295                 300
Thr Val Ser Thr Leu Phe Ala Leu Gln Asp Gly Ser Leu Ser Arg Val

305                 310                 315                 320
Ser Ser Gly Asn Val Ser Pro Leu Gln Gly Ile Trp Ser Gly Gly Asp
                325                 330                 335
Ile Asp Ser Ala Ala Ile Ser Ser Ser Ala Asn Val Val Ala Ala Val
            340                 345                 350
Arg His Glu Asn Asn Glu Ala Val Leu Thr Val Gly Ser Met Glu Gly
        355                 360                 365
Val Thr Ser Asp Ala Leu Arg Ser Glu Thr Ile Thr Arg Pro Thr Phe

    370                 375                 380
Glu Tyr Ala Ser Ser Gly Leu Trp Ala Val Val Asp Gly Glu Thr Pro
385                 390                 395                 400
Val Arg Val Ala Arg Ser Ala Thr Thr Gly Glu Leu Val Gln Thr Glu
                405                 410                 415
Ala Glu Ile Val Leu Pro Arg Asp Val Thr Gly Pro Ile Ser Glu Phe
            420                 425                 430
Gln Leu Ser Arg Thr Gly Val Arg Ala Ala Met Ile Ile Glu Gly Lys

        435                 440                 445
Val Tyr Val Gly Val Val Thr Arg Pro Gly Pro Gly Glu Arg Arg Val
    450                 455                 460
Thr Asn Ile Thr Glu Val Ala Pro Ser Leu Gly Glu Ala Ala Leu Ser
465                 470                 475                 480
Ile Asn Trp Arg Pro Asp Gly Ile Leu Leu Val Gly Thr Ser Ile Pro
                485                 490                 495
Glu Thr Pro Leu Trp Arg Val Glu Gln Asp Gly Ser Ala Ile Ser Ser

            500                 505                 510
Met Pro Ser Gly Asn Leu Ser Ala Pro Val Val Ala Val Ala Ser Ser
        515                 520                 525
Ala Thr Thr Val Tyr Val Thr Asp Ser His Ala Met Leu Gln Leu Pro
    530                 535                 540
Thr Ala Asp Asn Asp Ile Trp Arg Glu Val Pro Gly Leu Leu Gly Thr
545                 550                 555                 560
Arg Ala Ala Pro Val Val Ala Tyr
                565
```

<210> 119
<211> 1344
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1321)
<223> RXA02240
<400> 119

```
cagctagacc actgacattg cagttttaga cagcttggtc tatattggtt ttttgtattt 60
aagactattt attctcaact tcttcgaaag aagggtattt gtg gct cag cca acc   115
                                            Val Ala Gln Pro Thr
                                              1               5
gcc gtc cgt ttg ttc acc agt gaa tct gta act gag gga cat cca gac   163
Ala Val Arg Leu Phe Thr Ser Glu Ser Val Thr Glu Gly His Pro Asp
                 10                  15                  20

aaa ata tgt gat gct att tcc gat acc att ttg gac gcg ctg ctc gaa   211
Lys Ile Cys Asp Ala Ile Ser Asp Thr Ile Leu Asp Ala Leu Leu Glu
             25                  30                  35
aaa gat ccg cag tcg cgc gtc gca gtg gaa act gtg gtc acc acc gga   259
Lys Asp Pro Gln Ser Arg Val Ala Val Glu Thr Val Val Thr Thr Gly
         40                  45                  50
atc gtc cat gtt gtt ggc gag gtc cgt acc agc gct tac gta gag atc   307
Ile Val His Val Val Gly Glu Val Arg Thr Ser Ala Tyr Val Glu Ile

     55                  60                  65
cct caa tta gtc cgc aac aag ctc atc gaa atc gga ttc aac tcc tct   355
Pro Gln Leu Val Arg Asn Lys Leu Ile Glu Ile Gly Phe Asn Ser Ser
 70                  75                  80                  85
gag gtt gga ttc gac gga cgc acc tgt ggc gtc tca gta tcc atc ggt   403
Glu Val Gly Phe Asp Gly Arg Thr Cys Gly Val Ser Val Ser Ile Gly
                 90                  95                 100
gag cag tcc cag gaa atc gct gac ggc gtg gat aac tcc gac gaa gcc   451

Glu Gln Ser Gln Glu Ile Ala Asp Gly Val Asp Asn Ser Asp Glu Ala
            105                 110                 115
cgc acc aac ggc gac gtt gaa gaa gac gac cgc gca ggt gct ggc gac   499
Arg Thr Asn Gly Asp Val Glu Glu Asp Asp Arg Ala Gly Ala Gly Asp
        120                 125                 130
cag ggc ctg atg ttc ggc tac gcc acc aac gaa acc gaa gag tac atg   547
Gln Gly Leu Met Phe Gly Tyr Ala Thr Asn Glu Thr Glu Glu Tyr Met
    135                 140                 145

cct ctt cct atc gcg ttg gcg cac cga ctg tca cgt cgt ctg acc cag   595
Pro Leu Pro Ile Ala Leu Ala His Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr Gln
150                 155                 160                 165
gtt cgt aaa gag ggc atc gtt cct cac ctg cgt cca gac gga aaa acc   643
Val Arg Lys Glu Gly Ile Val Pro His Leu Arg Pro Asp Gly Lys Thr
                170                 175                 180
cag gtc acc ttc gca tac gat gcg caa gac cgc cct agc cac ctg gat   691
Gln Val Thr Phe Ala Tyr Asp Ala Gln Asp Arg Pro Ser His Leu Asp

            185                 190                 195
acc gtt gtc atc tcc acc cag cac gac cca gaa gtt gac cgt gca tgg   739
Thr Val Val Ile Ser Thr Gln His Asp Pro Glu Val Asp Arg Ala Trp
        200                 205                 210
ttg gaa acc caa ctg cgc gaa cac gtc att gat tgg gta atc aaa gac   787
Leu Glu Thr Gln Leu Arg Glu His Val Ile Asp Trp Val Ile Lys Asp
    215                 220                 225
gca ggc att gag gat ctg gca acc ggt gag atc acc gtg ttg atc aac   835
```

```
Ala Gly Ile Glu Asp Leu Ala Thr Gly Glu Ile Thr Val Leu Ile Asn
230                 235                 240                 245
cct tca ggt tcc ttc att ctg ggt ggc ccc atg ggt gat gcg ggt ctg   883
Pro Ser Gly Ser Phe Ile Leu Gly Gly Pro Met Gly Asp Ala Gly Leu
                250                 255                 260
acc ggc cgc aag atc atc gtg gat acc tac ggt ggc atg gct cgc cat   931
Thr Gly Arg Lys Ile Ile Val Asp Thr Tyr Gly Gly Met Ala Arg His
            265                 270                 275

ggt ggt gga gca ttc tcc ggt aag gat cca agc aag gtg gac cgc tct   979
Gly Gly Gly Ala Phe Ser Gly Lys Asp Pro Ser Lys Val Asp Arg Ser
        280                 285                 290
gct gca tac gcc atg cgt tgg gta gca aag aac atc gtg gca gca ggc   1027
Ala Ala Tyr Ala Met Arg Trp Val Ala Lys Asn Ile Val Ala Ala Gly
    295                 300                 305
ctt gct gat cgc gct gaa gtt cag gtt gca tac gcc att gga cgc gca   1075
Leu Ala Asp Arg Ala Glu Val Gln Val Ala Tyr Ala Ile Gly Arg Ala

310                 315                 320                 325
aag cca gtc gga ctt tac gtt gaa acc ttt gac acc aac aag gaa ggc   1123
Lys Pro Val Gly Leu Tyr Val Glu Thr Phe Asp Thr Asn Lys Glu Gly
                330                 335                 340
ctg agc gac gag cag att cag gct gcc gtg ttg gag gtc ttt gac ctg   1171
Leu Ser Asp Glu Gln Ile Gln Ala Ala Val Leu Glu Val Phe Asp Leu
            345                 350                 355
cgt cca gca gca att atc cgt gag ctt gat ctg ctt cgt ccg atc tac   1219

Arg Pro Ala Ala Ile Ile Arg Glu Leu Asp Leu Leu Arg Pro Ile Tyr
        360                 365                 370
gct gac act gct gcc tac ggc cac ttt ggt cgc act gat ttg gac ctt   1267
Ala Asp Thr Ala Ala Tyr Gly His Phe Gly Arg Thr Asp Leu Asp Leu
    375                 380                 385
cct tgg gag gct atc gac cgc gtt gat gaa ctt cgc gca gcc ctc aag   1315
Pro Trp Glu Ala Ile Asp Arg Val Asp Glu Leu Arg Ala Ala Leu Lys
390                 395                 400                 405

ttg gcc taaaaatctg atgtagtatc ttc                                 1344
Leu Ala
<210> 120
<211> 407
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 120
Val Ala Gln Pro Thr Ala Val Arg Leu Phe Thr Ser Glu Ser Val Thr
  1               5                  10                  15
Glu Gly His Pro Asp Lys Ile Cys Asp Ala Ile Ser Asp Thr Ile Leu
             20                  25                  30
Asp Ala Leu Leu Glu Lys Asp Pro Gln Ser Arg Val Ala Val Glu Thr
         35                  40                  45

Val Val Thr Thr Gly Ile Val His Val Val Gly Glu Val Arg Thr Ser
     50                  55                  60
Ala Tyr Val Glu Ile Pro Gln Leu Val Arg Asn Lys Leu Ile Glu Ile
 65                  70                  75                  80
Gly Phe Asn Ser Ser Glu Val Gly Phe Asp Gly Arg Thr Cys Gly Val
                 85                  90                  95
Ser Val Ser Ile Gly Glu Gln Ser Gln Glu Ile Ala Asp Gly Val Asp
```

```
            100                 105                 110

Asn Ser Asp Glu Ala Arg Thr Asn Gly Asp Val Glu Glu Asp Asp Arg
        115                 120                 125
Ala Gly Ala Gly Asp Gln Gly Leu Met Phe Gly Tyr Ala Thr Asn Glu
    130                 135                 140
Thr Glu Glu Tyr Met Pro Leu Pro Ile Ala Leu Ala His Arg Leu Ser
145                 150                 155                 160
Arg Arg Leu Thr Gln Val Arg Lys Glu Gly Ile Val Pro His Leu Arg
                165                 170                 175

Pro Asp Gly Lys Thr Gln Val Thr Phe Ala Tyr Asp Ala Gln Asp Arg
            180                 185                 190
Pro Ser His Leu Asp Thr Val Val Ile Ser Thr Gln His Asp Pro Glu
        195                 200                 205
Val Asp Arg Ala Trp Leu Glu Thr Gln Leu Arg Glu His Val Ile Asp
    210                 215                 220
Trp Val Ile Lys Asp Ala Gly Ile Glu Asp Leu Ala Thr Gly Glu Ile
225                 230                 235                 240

Thr Val Leu Ile Asn Pro Ser Gly Ser Phe Ile Leu Gly Gly Pro Met
                245                 250                 255
Gly Asp Ala Gly Leu Thr Gly Arg Lys Ile Ile Val Asp Thr Tyr Gly
            260                 265                 270
Gly Met Ala Arg His Gly Gly Gly Ala Phe Ser Gly Lys Asp Pro Ser
        275                 280                 285
Lys Val Asp Arg Ser Ala Ala Tyr Ala Met Arg Trp Val Ala Lys Asn
    290                 295                 300

Ile Val Ala Ala Gly Leu Ala Asp Arg Ala Glu Val Gln Val Ala Tyr
305                 310                 315                 320
Ala Ile Gly Arg Ala Lys Pro Val Gly Leu Tyr Val Glu Thr Phe Asp
                325                 330                 335
Thr Asn Lys Glu Gly Leu Ser Asp Glu Gln Ile Gln Ala Ala Val Leu
            340                 345                 350
Glu Val Phe Asp Leu Arg Pro Ala Ala Ile Ile Arg Glu Leu Asp Leu
        355                 360                 365

Leu Arg Pro Ile Tyr Ala Asp Thr Ala Ala Tyr Gly His Phe Gly Arg
    370                 375                 380
Thr Asp Leu Asp Leu Pro Trp Glu Ala Ile Asp Arg Val Asp Glu Leu
385                 390                 395                 400
Arg Ala Ala Leu Lys Leu Ala
                405
<210> 121
<211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 121
tcgggtatcc gcgctacactt aga                                          23
<210> 122
<211> 23
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
```

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer
<400> 122
GGAAACCGGG GCATCGAAAC TTA 23
<210> 123
<211> 18
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer
<400> 123
ggaaacagta tgaccatg 18
<210> 124
<211> 17
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220>
<223> Description of Artificial Sequence: primer
<400> 124
gtaaaacgac ggccagt 18
<210> 125
<211> 4334
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 125
aaatcgcttg accattgcag gttggtttat gactgttgag ggagagactg gctcgtggcc 60
gacaatcaat gaagctatgt ctgaatttag cgtgtcacgt cagaccgtga atagagcact 120
taagtctgcg ggcattgaac ttccacgagg acgccgtaaa gcttcccagt aaatgtgcca 180
tctcgtaggc agaaaacggt tccccccgta ggggtctctc tcttggcctc ctttctaggt 240
cgggctgatt gctcttgaag ctctctaggg gggctcacac cataggcaga taacggttcc 300
ccaccggctc acctcgtaag cgcacaagga ctgctcccaa agatcttcaa agccactgcc 360

gcgactccgc ttcgcgaagc cttgccccgc ggaaatttcc tccaccgagt tcgtgcacac 420
ccctatgcca agcttctttc accctaaatt cgagagattg gattcttacc gtggaaattc 480
ttcgcaaaaa tcgtcccctg atcgcccttg cgacgttgct cgcggcggtg ccgctggttg 540
cgcttggctt gaccgacttg atcagcttgc atgcctgcag gtcgacggat ccccgggtgg 600
gaaagccacg ttgtgtctca aaatctctga tgttacattg cacaagataa aaatatatca 660
tcatgaacaa taaaactgtc tgcttacata aacagtaata caaggggtgt tatgagccat 720
attcaacggg aaacgtcttg ctcgaggccg cgattaaatt ccaacatgga tgctgattta 780

tatgggtata aatgggctcg cgataatgtc gggcaatcag gtgcgacaat ctatcgattg 840
tatgggaagc ccgatgcgcc agagttgttt ctgaaacatg gcaaaggtag cgttgccaat 900
gatgttacag atgagatggt cagactaaac tggctgacgg aatttatgcc tcttccgacc 960
atcaagcatt ttatccgtac tcctgatgat gcatggttac tcaccactgc gatccccggg 1020
aaaacagcat tccaggtatt agaagaatat cctgattcag gtgaaaatat tgttgatgcg 1080
ctggcagtgt tcctgcgccg gttgcattcg attcctgttt gtaattgtcc ttttaacagc 1140
gatcgcgtat ttcgtctcgc tcaggcgcaa tcacgaatga ataacggttt ggttgatgcg 1200

agtgattttg atgacgagcg taatggctgg cctgttgaac aagtctggaa agaaatgcat 1260
aagcttttgc cattctcacc ggattcagtc gtcactcatg gtgatttctc acttgataac 1320
cttatttttg acgaggggaa attaataggt tgtattgatg ttggacgagt cggaatcgca 1380
gaccgatacc aggatcttgc catcctatgg aactgcctcg gtgagttttc tccttcatta 1440
cagaaacggc tttttcaaaa atatggtatt gataatcctg atatgaataa attgcagttt 1500
catttgatgc tcgatgagtt tttctaatca gaattggtta attggttgta acactggcag 1560

agcattacgc tgacttgacg ggacggcggc tttgttgaat aaatcgaact tttgctgagt 1620

tgaaggatca gatcacgcat cttcccgaca acgcagaccg ttccgtggca aagcaaaagt 1680
tcaaaatcac caactggtcc acctacaaca aagctctcat caaccgtggc tccctcactt 1740
tctggctgga tgatggggcg attcaggcct ggtatgagtc agcaacacct tcttcacgag 1800
gcagacctca gcgcccccga attgatcagt actgcggcgt cgctgatcgc cctcgcgacg 1860
ttgtgcgggt ggcttgtccc tgagggcgct gcgacagata gctaaaaatc tgcgtcagga 1920
tcgccgtaga gcgcgcgtcg cgtcgattgg aggcttcccc tttggttgac ggtcttcaat 1980
cgctctacgg cgatcctgac gctttttgt tgcgtaccgt cgatcgtttt atttctgtcg 2040

atcccgaaaa agtttttgcc ttttgtaaaa aacttctcgg tcgccccgca aattttcgat 2100
tccagatttt ttaaaaacca agccagaaat acgacacacc gtttgcagat aatctgtctt 2160
tcggaaaaat caagtgcgat acaaaatttt tagcacccct gagctgcgca aagtcccgct 2220
tcgtgaaaat tttcgtgccg cgtgattttc cgccaaaaac tttaacgaac gttcgttata 2280
atggtgtcat gaccttcacg acgaagtacc aaaattggcc cgaatcatca gctatggatc 2340
tctctgatgt cgcgctggag tccgacgcgc tcgatgctgc cgtcgattta aaaacggtga 2400
tcggattttt ccgagctctc gatacgacgg acgcgccagc atcacgagac tgggccagtg 2460

ccgcgagcga cctagaaact ctcgtggcgg atcttgagga gctggctgac gagctgcgtg 2520
ctcggcagcg ccaggaggac gcacagtagt ggaggatcga atcagttgcg cctactgcgg 2580
tggcctgatt cctccccggc ctgacccgcg aggacggcgc gcaaaatatt gctcagatgc 2640
gtgtcgtgcc gcagccagcc gcgagcgcgc caacaaacgc cacgccgagg agctggaggc 2700
ggctaggtcg caaatggcgc tggaagtgcg tcccccgagc gaaattttgg ccatggtcgt 2760
cacagagctg gaagcggcag cgagaattat ccgcgatcgt ggcgcggtgc ccgcaggcat 2820
gacaaacatc gtaaatgccg cgtttcgtgt ggccgtggcc gcccaggacg tgtcagcgcc 2880

gccaccacct gcaccgaatc ggcagcagcg tcgcgcgtcg aaaaagcgca caggcggcaa 2940
gaagcgataa gctgcacgaa tacctgaaaa atgttgaacg ccccgtgagc ggtaactcac 3000
agggcgtcgg ctaaccccca gtccaaacca gggagaaagc gctcaaaaat gactctagcg 3060
gattcacgag acattgacac accggcctgg aaatttccg ctgatctgtt cgacacccat 3120
cccgagctcg cgctgcgatc acgtggctgg acgagcgaag accgccgcga attcctcgct 3180
cacctgggca gagaaaattt ccagggcagc aagacccgcg acttcgccag cgcttggatc 3240
aaagacccgg acacgggaga aacacagccg aagttatacc gagttggttc aaaatcgctt 3300

gcccggtgcc agtatgttgc tctgacgcac gcgcagcacg cagccgtgct tgtcctggac 3360
attgatgtgc cgagccacca ggccggcggg aaaatcgagc acgtaaaccc cgaggtctac 3420
gcgattttgg agcgctgggc acgcctggaa aaagcgccag cttggatcgg cgtgaatcca 3480
ctgagcggga aatgccagct catctggctc attgatccgg tgtatgccgc agcaggcatg 3540
agcagcccga atatgcgcct gctggctgca acgaccgagg aaatgacccg cgttttcggc 3600
gctgaccagg ctttttcaca taggctgagc cggtggccac tgcacgtctc cgacgatccc 3660
accgcgtacc gctggcatgc ccagcacaat cgcgtggatc gcctagctga tcttatggag 3720

gttgctcgca tgatctcagg cacagaaaaa cctaaaaaac gctatgagca ggagttttct 3780
agcggacggg cacgtatcga agcggcaaga aaagccactg cggaagcaaa agcacttgcc 3840
acgcttgaag caagcctgcc gagcgccgct gaagcgtctg gagagctgat cgacggcgtc 3900
cgtgtcctct ggactgctcc agggcgtgcc gcccgtgatg agacggcttt tcgccacgct 3960
ttgactgtgg gataccagtt aaaagcggct ggtgagcgcc taaaagacac caagatcatc 4020
gacgcctacg agcgtgccta caccgtcgct caggcggtcg gagcagacgg ccgtgagcct 4080
gatctgccgc cgatgcgtga ccgccagacg atggcgcgac gtgtgcgcgg ctacgtcgct 4140

aaaggccagc cagtcgtccc tgctcgtcag acagagacgc agagcagccg agggcgaaaa 4200
gctctggcca ctatgggaag acgtggcggt aaaaaggccg cagaacgctg gaaagaccca 4260
aacagtgagt acgcccgagc acagcgagaa aaactagcta agtccagtca acgacaagct 4320
aggaaagcta aagg 4334